DAVID REICH

# CINE SUNTEM
## ŞI CUM AM AJUNS AICI

ADN-ul ancestral şi noua ştiinţei
despre trecutul omului

Bestseller New *York Times*

CORINT FUTURE

DAVID REICH

# CINE SUNTEM

## ŞI CUM AM AJUNS AICI

DAVID REICH

# CINE SUNTEM
## ŞI CUM AM AJUNS AICI

ADN-ul ancestral şi noua ştiintă

despre trecutul omului

Traducere din limba engleză
CARMEN STRUNGARU

Prefaţă
RADU UMBREŞ

CORINT
**FUTU1E**

*Pentru Seth si Leah*

# PREFAŢA

J

Dacă v-ati vizitat vreodată neamurile de la ţară, este foarte probabil să fi primit pe uliţă întrebarea: „Al cui eşti tu?” Bătrânele ce se adună în faţa porţilor sunt experte în genealogiile locale şi pot rapid să identifice relaţii de rudenie pornind de la părinţi şi, apoi, creionând liniile de descendenţă şi căsătorie ce definesc identitatea unei persoane. în timpul cercetărilor etnografice, m-au fascinat întotdeauna curiozitatea lor şi complexele analize pe care localnicii le făceau despre legăturile dintre oameni, ca nişte antropologi amatori. Până la urmă, puneau aceleaşi întrebări pe care şi le pun oamenii de ştiinţă ce studiază omul şi umanitatea. Spune-mi din cine te tragi ca să-ţi spun cine eşti.

Răspunsul iniţial şi cel mai simplu este cel pe care îl dădeau unii copii mai şturlubatici. „Sunt al lu’ mama şi-al lu’ tata”. în mod direct, oamenii se trag din părinţii lor, iar sistemele culturale de rudenie codifică această relaţie în diverse moduri. La nivel biologic însă, există un singur proces de descendenţă comun tuturor oamenilor (ca şi altor animale). Apărem pe lume din fertilizarea celulelor reproductive feminine (ovule) cu gârneţi masculini (spermatozoizi). Procesul central din zigotul rezultat este combinarea genelor celor doi părinţi, iar noul organism va primi exact jumătate din materialul genetic de la fiecare din ei, fiecare micro-componentă fiind selectată într-un mod aleatoriu. Acest element biologic va rămâne

neschimbat din momentul concepţiei, şi joacă un rol fundamental în existenţa noastră.

De la firele de păr până la neuroni, fiecare celulă din corpul nostru conţine o copie identică a ADN-ului nostru – cu excepţia unor mutaţii minore. Dacă nu avem un geamăn monozigotic conceput din diviziunea celulară a unui ovul fecundat, genomul nostru este unic, deşi este aproape similar cu genomul celorlalţi oameni. O infimă variaţie de 0,001 procente este responsabilă pentru diferenţele de aspect şi funcţionare ce le găsim în interiorul speciei noastre. Diferenţe aparent minore la nivel genetic pot duce însă la diferenţe uriaşe între specii. ADN-ul nostru este 99% identic cu cel al cimpanzeilor şi 60% cu cel al musculiţei de oţet (faimoasa *drosophila melanogaster* folosită în biologie ca un organismmodel datorită rapidităţii de reproducere şi simplităţii genetice). Diferenţele importante apar însă la nivelul unei părţi fundamentale a ADN-ului.

Din punct de vedere chimic, ADN-ul este o moleculă complexă. Din punct de vedere biologic, ADN-ul este informaţie. Mai multe metafore au fost folosite pentru a descrie într-un mod intuitiv ce este şi ce face ADN-ul. Una ar fi că genomul este ca planul unui arhitect. Undeva în dublul lanţ spiralat de polinucleotide se află schiţa detaliată a rinichilor, a structurii osoase, a culorii părului sau a formei urechilor. O altă metaforă sugerează că ADN-ul este ca un program de calculator, un software. Formula chimică complexă a acidului dezoxiribonucleic ar putea fi asemuită unor linii de cod care conţin

instrucţiunile de construire a fiecărei părţi a organismului şi a sistemului său de organizare.

Aceste metafore sunt utile pentru a înţelege ce este şi ce face genomul, dar sunt limitate. Formele figurative sunt intuitive, dar incapabile să descrie exact mecanismele, pentru că natura nu lucrează cu informaţia precum oamenii. Genele sunt în acelaşi timp mult mai simple şi mult mai complexe decât o schiţă sau un program. Metafora mai potrivită este o reţetă de bucătărie sau, mai bine zis, o carte de bucate. De la bacterii până la oameni, genele conţin informaţia ce ghidează producerea de proteine din aminoacizi. Tipul proteinelor şi interacţiunile dintre acestea sunt elementele de bază ale vieţii, cu un rol decisiv în formarea si funcţionarea celulelor, si a organismului în general. Determinând ce proteine sunt produse şi când, structura moleculară a genomului reprezintă factorul cauzal iniţial şi fundamental pentru construirea şi menţinerea organismului, de la cele mai discrete aspecte la cele mai evidente.

Acum câţiva ani, am început să sufăr de tulburări digestive. După mai multe diagnostice ambigue, am aflat una dintre cauze în urma unui test ADN: intoleranţa la lactoză. Lactoza este o glucidă ce se găseşte în lapte şi derivaţi ai acestuia, însă nu poate fi asimilată direct de sistemul nostru digestiv. Aici apare o proteină cu rol de catalizator biologic. Lactaza este o enzimă ce transformă lactoza în galactozâ şi glucoză, zaharuri ce pot fi asimilate de organismul nostru. Mamiferele produc lactază de-a lungul

perioadei de alăptare, însă producţia se încheie la maturitate. Este ineficient să produci o enzimă de-a lungul vieţii dacă ea nu are un rol decât în primii ani de viaţă, pentru că laptele nu se găseşte în natură decât la sânul mamei, iar evoluţia naturală nu încurajează procese risipitoare.

Majoritatea oamenilor seamănă cu celelalte mamifere şi nu mai produc lactază la maturitate, însă mulţi membri ai speciei noastre au mutaţii genetice ce duc la persistenţa lactazei de-a lungul vieţii. Dacă beţi un pahar mare de lapte dulce pe stomacul gol şi nu simţiţi niciun disconfort, atunci felicitări! Probabil aveţi una dintre acele variante avantajoase de gene şi vă puteţi bucura de orice fel de lactate pentru că ADN-ul dumneavoastră include în meniu producţia acestei proteine (iar dacă nu, puteţi totuşi digera mai bine lactatele produse prin fermentaţie sau puteţi adăuga la dietă capsule cu lactază sintetizată).

Persistenţa lactozei variază global. Este foarte întâlnită în Europa nordică, ceva mai puţin în sudul Europei, iar în China este rară. Populaţiile din estul Africii au o altă mutaţie genetică decât cea din Europa ce duce la producerea de lactoză, un exemplu minunat de convergenţă în care evoluţia naturală duce la apariţia unor trăsături avantajoase pe diferite căi biologice. într-o populaţie anume vom găsi un amestec de oameni care au aceste mutatii sau nu. în

România, raportul este probabil în jur de 50% – 50%. Distribuţiile acestea nu sunt întâmplătoare, ci spun o poveste despre

evoluţia şi transformarea omenirii. Mutaţiile de toleranţă la lactoză au început să se răspândească semnificativ acum câteva mii de ani, o frântură din istoria speciei noastre, dar exact în perioada de trecere de la societăţile de vânător- culegători la societăţile agrare în anumite părţi ale globului.

începem să înţelegem mai bine această istorie a umanităţii pentru că putem să vedem astăzi ceva ce era de neconceput acum câţiva ani. Putem astăzi analiza codul genetic al strămoşilor noştri prin decodarea materialului biologic din fosile. Frenezia cercetării ADN-ului ancestral se hrăneşte din mai multe revoluţii ştiinţifice. Prima, şi poate cea mai importantă, este teoria evoluţiei naturale, propusă de Darwin. Ea poate fi sumarizată citând direct autorul: „descendenţă cu modificare”. Organismele moştenesc însuşirile de la părinţi şi uneori apar transformări. întrucât există variaţie în interiorul unei populaţii, iar unele trăsături sunt mai benefice decât altele, anumite caracteristici devin mai numeroase în rândul membrilor. Aceste mecanisme explică cum speciile apar, se schimbă, dispar, dar şi cum împart un strămoş comun undeva în istoria adâncă.

Teoria evoluţiei naturale a fost completată de un alt imens salt în biologie. Ceea ce Gregor Mandel numea „factori” pentru a explica moştenirea trăsăturilor s-a numit ulterior „gene” pentru a defini elementele cauzale ale transmiterii caracteristicilor de la o generaţie la alta şi variaţia lor într-o populaţie. Descoperirea structurii ADN-ului

de către Francis Crick şi James Watson pe baza studiilor lui Rosalind Franklin si Maurice Wilkins a oferit doar confirmarea şi descrierea empirică a lucrurilor şi mecanismelor propuse de sinteza modernă a biologiei.

Progresul ştiinţific a fost puternic impulsionat de dezvoltarea tehnologiei de cercetare. Descoperirea structurii ADN-ului a fost urmată de analiza, din ce în ce mai sofisticată, a genomului uman folosind instrumente si tehnici ce au avansat de la un an la altul. Revoluţia industrială a tehnologiei digitale a creat o imensă putere de calcul ce a fost folosită pentru decodarea genomului şi analiza componentelor acestuia. Costurile au scăzut rapid, iar capacitatea de prelucrare a informaţiei şi cea de analiză statistică au crescut exponenţial. Cercetarea genetică a devenit rapid una dintre principalele ramuri din medicină şi biologie, însă a început să prindă rădăcini şi în domenii ce erau fieful altor discipline.

Inovaţiile tehnologice pot schimba uneori o întreagă disciplină. Datarea cu radiocarbon (carbon- 14) a oferit măsurători şi estimări mult mai precise decât metodele clasice din arheologie, răsturnând multe dintre teoriile existente. Impactul a fost resimţit şi în paleoantropologie, disciplină ce a combinat arheologia cu antropologia fizică în studiul fosilelor umane sau umanoide pentru a reconstrui istoria evoluţiei speciei Homo Sapiens. Iar analiza genetică poate să răspundă la întrebări fundamentale, cum ar fi dacă a existat un salt biologic major care a

dat naştere trăsăturilor extraordinare ale omului modern (spoiler alert: nu se găsesc dovezi ale unei modificări unice şi majore, se susţine mai repede ipoteza unor evoluţii graduale, pe mai multe dimensiuni, o continuitate biologică ce acordă mai mare importanţă evoluţiei culturale).

Dacă tehnologia a avansat enorm, materialul empiric ridică nişte probleme imense. în timp ce este foarte uşor să analizezi genomul prelevat direct de la organisme vii, ADN-ul se deteriorează rapid în fosile şi există pericolul contaminării cu material genetic străin. Au apărut însă noi metode de extragere şi de analiză care permit reconstrucţia codului genetic al unui organism mort de zeci sau sute de mii de ani din care a rămas o bucăţică de os. Mai mult, metode statistice care estimează rata de mutaţie normală pot genera estimări privind legăturile dintre ADN-ul ancestral şi cel contemporan.

Analiza ADN-ului ancestral propune astăzi o nouă revoluţie ştiinţifică, iar *Cine suntem şi cum am ajuns aici* ne arată cât de departe a ajuns munca lui David Reich şi a celorlalţi specialişti în paleogenetică. David Reich este unul dintre experţii cei mai importanţi din lume în studierea ADN-ului ancestral. A început prin a studia fizica şi biochimia, obţinând apoi un doctorat în zoologie şi specializându-se în genetică. Marele său salt a început prin dezvoltarea unui laborator de genetică ancestrală la Harvard. 0 adevărată fabrică alimentată cu fonduri şi tehnologie de ultimă generaţie, acest centru produce zeci de articole în fiecare an, dintre care multe

apar în *Nature* si *Science* – standardele de excelentă în cercetarea ştiinţifică. Ascensiunea lui Reich se asociază unei explozii a domeniului său. în 2010 au apărut 5 articole despre ADN-ul ancestral. Zece ani mai târziu s-au publicat peste 5 000, un avans extraordinar al cunoaşterii facilitate de avansul tehnologic şi de interesul crescut pentru o ramură ştiinţifică ce promite să revoluţioneze cunoaşterea speciei noastre.

în spatele unei cărţi scrise pentru publicul larg se ascunde un volum imens de cercetare, analize statistice complexe, laboratoare de ultimă generaţie, toate pentru a extrage cât mai multe informaţii dintrun număr foarte mic de fosile disponibile. Fiecare nouă descoperire este primită cu entuziasm, cum ar fi rămăşiţele din Peştera cu Oase din Caras-Severin, ce aparţin unuia dintre cei mai vechi oameni moderni descoperiţi vreodată. Analizele genetice ale ADN-ului unuia dintre specimene sugerează că acesta avea un strămos Neanderthalian cu maximum şase generaţii înainte, dovadă a încrucişării dintre cele două subspecii ale speciei *Homo.*

Tema amestecului de populaţii este una dintre cele mai importante idei transmise de David Reich. Mintea noastră si ideile noastre culturale ne fac să ne gândim la specii sau la populaţii umane în mod esenţializat. Considerăm că există ceva special care stă la baza unei specii sau o

calitate specială împărtăşită de toţi oamenii dintr-o zonă sau dintr-un grup etnic. Tindem să împărţim animale şi oameni în cutiuţe clar definite, cu etichete, însoţite de descrieri ale trăsăturilor comune si definitorii. Pe cât de uşor

sunt aceste concepte[3] de înţeles şi de folosit[3], pe atât de greşite sunt acestea din punct de vedere al ontologiei ştiinţifice.

Biologia şi antropologia prezintă o altă realitate, mai greu de înţeles, dar mai apropiată de modul în care funcţionează natura şi umanitatea. Speciile nu sunt categorii ideale (platoniciene), ci distribuţii de trăsături variabile concentrate în jurul unor medii statistice. Imaginea de puritate genetică sau de esenţă comună unui grup de oameni trebuie înlocuită cu o istorie a filogeniei în care amestecul şi variaţia sunt procesele fundamentale, nu permanenţa. Toţi suntem rezultatul încrucişării dintre nenumăraţi indivizi aparţinând unor straturi istorice şi unor valuri de mişcare de populaţie, cu nenumărate variaţii şi modificări de-a lungul timpului.

Una dintre imaginile care ne distorsionează înţelegerea este cea a arborelui evolutiv în care Homo Sapiens este o ramură alături de alţi hominizi, primate şi aşa mai departe. însă strămoşii noştri identificabili ca oameni moderni din punct de vedere anatomic s-au combinat cu rude apropiate, cum ar fi Neanderthalienii sau denisovanii. Urme ale genelor acestora le regăsim în oamenii contemporani care au intrat în contact cu aceste populaţii în timpul migraţiilor în afara

Africii, unde găsim rădăcinile speciei noastre. Analiza acestor segmente de ADN sugerează anumite adaptări la mediu ce ar putea fi moştenite până astăzi, cum ar fi adaptarea Neanderthalienilor la clime reci sau a denisovanilor la altitudini înalte. Nu doar că Homo Sapiens s-a încrucişat cu alte populaţii umanoide, dar diferite populaţii de oameni preistorici s-au mişcat, s-au amestecat, s-au diversificat sau au dispărut. ADN-ul ancestral ne spune o poveste a unor interacţiuni şi evoluţii complexe ale strămoşilor noştri.

Deşi paleogenetica ar trebui să fie într-o conversaţie continuă cu arheologia şi paleoantropologia, metodele şi modelele teoretice pot intra uneori în conflict. Modelele genetice pot, de exemplu, să propună existenţa teoretică a unor tipologii de indivizi ce nu au fost descoperite de explorări fizice. Cu atât mai fascinante devin cazurile în care fosile nou descoperite susţin ipoteze derivate prin analiza ADN-ului ancestral, iar un organism reconstruit prin analiza codului genetic al fosilelor existente se dovedeşte a fi existat în realitate.

Analiza ADN-ului ancestral intră în coliziune cu multe idei puternic ancorate în realitatea politică şi socială în care se desfasoară demersul ştiinţific. Orice t J ’ discuţie despre trecut va ajunge, inevitabil, la o discuţie despre prezent. Puţine lucruri sunt mai mult dezbătute şi folosite în conflictele contemporane decât tema originilor, a categoriilor de oameni sau a dreptului asupra patrimoniului istoric. Cu abordarea sa empirică, rece, cantitativă, paleogenetica ajunge să conteste sau să confirme modele teoretice care au fost fie ţinute sub tăcere, fie

manipulate în scop politic. Iar uneori mizele sunt foarte mari.

Să luăm cazul Indiei. Din miturile exprimate din *Mahabharata* şi *Rig Veda,* mulţi au lansat teoria unei invazii din nord a „arienilor”, ce a înlocuit sau subjugat populaţiile ancestrale din subcontinentul indian acum câteva mii de ani. Această teorie a fost folosită şi de pseudoştiinţa nazistă pentru a formula imaginea unor populaţii superioare ariene ce au format leagănul civilizaţiei europene, legitimând ideologia rasistă şi exterminarea raselor „inferioare”. În India, miturile fondatoare includ o justificare a sistemului de castă pe care statul modern a încercat să îl demonteze, deşi el persistă în societatea contemporană. Unii antropologi au argumentat chiar că sistemul de castă este, de fapt, produsul colonialismului si nu ar avea o vechime istorică relevantă ca sistem de organizare socială.

Nu voi dezvălui întreg argumentul lui David Reich, dar paleogenetica poate să confirme şi chiar să nuanţeze miturile istorice ale mişcărilor de populaţie şi ale reproducerii unui sistem de caste sociale endogame. Au existat valuri de migraţie ancestrală spre subcontinentul indian, deşi acestea au fost mai multe şi mai complexe decât cele promovate în ideologiile ariene sau în miturile hinduse. Ca un fapt absolut uimitor, există de trei ori mai multe diferenţe genetice între membrii a două caste dintr-un sat din India decât există între un european nordic şi unul sudic. Mai mult, paleogenetica poate să analizeze separat descendenţa pe linie

feminină (ADN mitocondrial) şi pe linie masculină (cromozomul Y). Folosind această tehnică, se susţine ipoteza unui influx de bărbaţi care au lăsat descendenţi împreună cu femeile localnice acum câteva mii de ani – proces care apare în mai multe locuri unde un grup extern devine dominant peste o populaţie cucerită.

Lingvistica este un alt domeniu cu care paleogenetica intră în conversaţie. Un exemplu fascinant sunt limbile amerindiene vorbite de populaţiile pre-columbiene. Pot fi ele clasificate în familii şi care sunt diferenţele îndeajuns de semnificative pentru a crea o clasă? Lingvişţii nu pot afla ce limbi au fost vorbite în trecut, dar pot reconstrui arbori filogenetici pe baza lexicului şi a morfologiei actuale. Spre deosebire de gene, limba se poate transmite şi modifica mult mai rapid şi poate circula între populaţii în urma contactului social, însă analiza genomului ancestral poate susţine anumite teorii despre familii de limbi pornind de la valuri de migraţie a populaţiilor, începând cu primii oameni ce au ajuns pe continentul american traversând Strâmtoarea Bering atunci când nivelul oceanului planetar era mult mai jos datorită marii ere glaciare.

Studierea materialului genetic ancestral se poate lovi însă de o mare problemă etică. în special pe continentul american, unele populaţii native sunt sceptice sau complet opuse analizării genomului strămoşilor lor. O parte din această rezistenţă se datorează unei istorii de opresiune şi discriminare ce i-a făcut să nu aibă încredere în oameni de

stiintă si în modul în care cunoaşterea ştiinţifică a fost folosită pentru a portretiza populaţiile indigene. 0 altă sursă de respingere a paleogeneticii este cosmologia locală care include mituri fondatoare ce explică cum a apărut un trib din acţiunea unor actori supranaturali, principii religioase care intră în conflict cu teoriile ştiinţifice.

Situaţia devine şi mai complicată când se pune problema proprietăţii asupra fosilelor umane. Are oare un trib dreptul de a primi şi dispune de rămăşiţele găsite pe teritoriul său? Chiar dacă acele populaţii ancestrale nu sunt neapărat strămoşii lor – sau dacă alte triburi mult mai îndepărtate geografic sunt mai apropiate din punct de vedere genetic? Pot liderii unei comunităţi să oprească cercetătorii din a folosi probe prelevate în trecut? Sau să blocheze o cercetare chiar dacă unii dintre membrii tribului au fost de acord să îşi ofere materialul genetic pentru studiu? Deşi toate aceste piedici întârzie progresul ştiinţific, doar respectul pentru alte culturi şi colaborarea cu populaţiile indigene pot oferi o soluţie etică pentru înţelegerea istoriei omenirii.

Pe lângă analize fascinante despre genetica ancestrală, cartea lui David Reich contribuie la o conversaţie ce va deveni din ce în ce mai relevantă în
următorii ani. Revoluţia ştiinţifică adusă de analiza ADN-ului va zdruncina discipline academice, ortodoxii, ideologii şi principii morale. Cât de semnificative sunt diferenţele genetice dintre oameni şi ce relevanţă au acestea pentru fenomenele socioculturale? Există vreo realitate în spatele conceptului de

„rasă”? Cât de prudenţi ar trebui să fim ţinând cont de uzul si abuzul de teorii (pseudo)ştiinţifice de către regimuri totalitare sau mişcări politice rasiste sau xenofobe?

Poziţia lui Reich este nuanţată, dar înclină clar către tabăra neo-iluminiştilor precum Steven Pinker sau Richard Dawkins. Stiinta si raţiunea sunt

* , * > fundamentale pentru acţiunile şi ideile societăţii contemporane, iar orice încercare de a ascunde sau a împiedica cunoaşterea adevărului – indiferent de motivele nobile invocate – va avea efecte perverse. Impunerea unei ortodoxii eronate, chiar dacă mânată de scopuri profund umaniste, va ajunge să credibilizeze criticii acesteia şi le va da putere să îşi impună o agendă toxică pentru discursul public. Ideile greşite nu pot fi combătute prin metoda pumnului în gură, ci prin idei mai bune. Adevărul poate uneori să nu arate aşa cum ne dorim, însă doar acceptând realitatea şi continuând să aflăm din ce în ce mai mult despre specia umană în întreaga sa complexitate vom putea construi o societate mai bună şi mai dreaptă.

*Radu Umbres*

# INTRODUCERE

Această carte a fost inspirată de un vizionar, Luca Cavalli-Sforza, fondatorul studiilor genetice asupra trecutului nostru. L-am avut drept profesor pe unul dintre studenţii săi, astfel încât pot spune că aparţin şcolii sale şi că am fost inspirat de viziunea sa asupra genomului ca perspectivă pentru

înţelegerea istoriei speciei noastre.

Punctul culminant al carierei lui Cavalli-Sforza l-a reprezentat anul 1994, când a publicat *The History and Geography of Human Genes,* în care a sintetizat tot ceea ce se cunoştea, la acea dată, în arheologie, lingvistică, istorie şi genetică, pentru a ne relata o măreaţă istorie a modului în care omenirea a ajuns să fie ceea ce este astăzi.[1] Cartea oferea o trecere în revistă a trecutului îndepărtat. Dar se baza pe ceea ce se cunoştea la vremea respectivă, astfel încât a fost marcată de puţinătatea datelor genetice disponibile atunci, care erau atât de limitate, încât păreau aproape inutile, comparativ cu informaţiile mult mai ample din arheologie şi lingvistică. Datele genetice din acea vreme puteau evidenţia, uneori, nişte tipare care se potriveau cu ceea ce se cunoştea deja, dar informaţiile pe care le conţineau nu erau suficient de bogate pentru a demonstra lucruri cu adevărat noi. Ba chiar, puţinele noi afirmaţii principale lansate de Cavalli-Sforza s-au dovedit a fi, în esenţă, greşite. Acum două decenii, toată lumea, de la Cavalli-Sforza la studenţii începători de anul întâi, cum eram eu însumi, lucra în epoca întunecată a ADN-ului.

în 1960, Cavalli-Sforza a făcut un mare pariu, care i-a orientat întreaga carieră. El a pus rămăşag că ar fi posibilă reconstituirea marilor migraţii din trecut, exclusiv pe baza diferenţelor genetice dintre popoarele actuale.[2]

De la un studiu la altul, vreme de cinci decenii, Cavalli-Sforza a părut a se afla pe drumul cel bun pentru câştigarea pariului.

Când a început această muncă, tehnologia care să permită studiul variaţiilor umane era intr-atât de modestă, încât singura posibilitate era aceea de a măsura proteinele serice, folosind variaţii de tipul celor ale grupelor de sânge A, B şi 0, testate de medici pentru a potrivi donatorii de sânge cu primitorii. Până în anii 1990, el şi colegii săi adunaseră date provenite de la peste 100 de astfel de variaţii, existente în diferite populaţii. Folosind aceste date, au reuşit să grupeze indivizii, în mod convingător, după continent, bazându-se pe cât de des se potrivesc între ele aceste variaţii: de exemplu, locuitorii Europei aveau o rată mai mare de potrivire cu alţi europeni, cei din estul Asiei cu est-asiaticii şi africanii cu africanii. în anii 1990 şi 2000, ei au dus cercetările la un nou nivel, trecând dincolo de variaţia proteinelor, prin examinarea directă a ADN- ului, codul nostru genetic. Au analizat un număr total de aproximativ 1 000 de indivizi din cam 50 de populaţii diferite, răspândite pe întreaga planetă, examinând variaţiile de la nivelul a peste 300 de poziţii din genom.[2] Atunci când au cerut computerului – care nu cunoştea identitatea populaţiilor – să împartă subiecţii în cinci grupuri, rezultatele au corespuns nemaipomenit de bine cu intuiţia generală cu privire la diviziunea ancestrală profundă a oamenilor (vest-eurasiatici, est-asiatici, nativi americani, papuaşi şi africani).

Cavalli-Sforza era interesat, în mod deosebit, de interpretarea grupurilor genetice în rândul populaţiei umane de astăzi, din perspectiva istoriei populaţiei. El şi colegii săi

au analizat datele referitoare la grupele de sânge, folosind o tehnică de identificare a combinaţiilor de variaţii biologice, care sunt cele mai eficiente în evidenţierea diferentelor dintre indivizi. Proiectând aceste combinaţii ale tipurilor de grupe de sânge pe o hartă a Eurasiei Occidentale, au găsit că acea combinaţie care concentra cele mai multe variaţii între indivizi a atins valoarea extremă la nivelul Orientului Apropiat, scăzând în Europa, în lungul unui gradient, de la sud-est către nord-vest.- Ei au interpretat această constatare ca fiind o amprentă genetică a migraţiei fermierilor în Europa, dinspre Orientul Apropiat, migraţie cunoscută, din informaţiile arheologice, că ar fi avut loc acum 9 000 de ani. Scăderea intensităţii gradientului le-a sugerat că, după ce au ajuns în Europa, fermierii s-au amestecat cu populaţiile locale de vânător-culegători, acumulând mai multă informaţie genetică de la aceştia, pe măsură ce s-au răspândit, proces denumit „difuzie demică’- (pătrunderea, migrarea unui grup într-o arie geografică cu totul nouă, cu sau fără înlocuirea sau amestecul cu populaţia locală – n. tr.). Până nu demult, numeroşi arheologi au privit modelul difuziei demice ca pe un model de întrepătrundere exemplară a perspectivelor provenite din arheologie şi genetică.

Modelul propus de Cavalli-Sforza şi colegii lui pentru des-crierea datelor era atractiv din punct de vedere intelectual, dar greşit. Erorile sale au devenit vizibile începând cu anul 2008, când John Novembre şi colegii săi

au demonstrat că astfel de gradienţi, precum cei observaţi în Europa, pot să apară şi în absenţa migraţiei.[5] Apoi au arătat că expansiunea agricolă din Orientul Apropiat spre Europa ar putea, în mod contraintuitiv, determina tehnica matematică folosită de Cavalli-Sforza să producă un gradient perpendicular pe direcţia de migraţie, şi nu paralel cu aceasta, aşa cum se observase în datele reale.[2]

A fost nevoie de revoluţia provocată de capacitatea de extragere a ADN-ului din oase străvechi – „revoluţia ADN-ului ancestral” – pentru a bate un cui în coşciugul modelului difuziei demice. Revoluţia ADN-ului ancestral a certificat faptul că primii agricultori, chiar şi cei din cele mai îndepărtate colţuri ale Europei – Anglia, Scandinavia şi Iberia erau foarte puţin înrudiţi genetic cu vânător-culegătorii. în realitate, ei aveau mai puţini descendenţi vânător-culegători decât diversele populaţii europene de astăzi. Cea mai mare proporţie de strămoşi agricultori timpurii din Europa nu se află astăzi în sud-est Europei, locul în care gândea Cavalli-Sforza că s-ar afla, bazându-se pe datele provenite de la grupele de sânge, ci în insula mediteraneeană Sardinia, în vestul Italiei.-

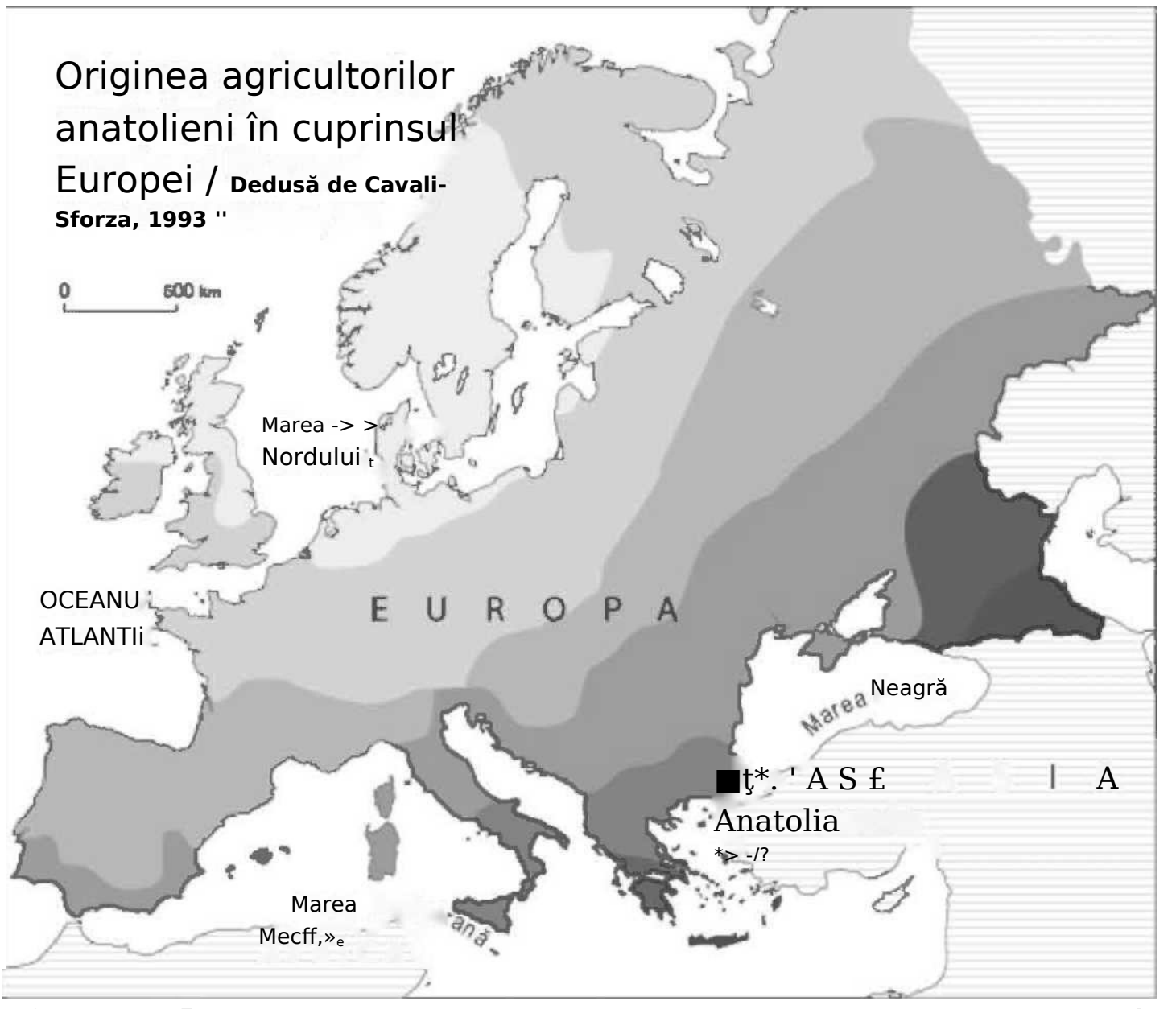



**Figura la.** *Conturul trasat de Luca Cavalli-Sforza în 1993 (adaptat mai sus) sugerează că deplasarea agricultorilor dinspre est ar putea fi reconstruită după tiparele variaţiilor grupelor de sânge în rândul locuitorilor de astăzi, cu cea mai mare proporţie a unei asemenea descendenţe în zona de sud-est, din apropierea Anatoliei.*

Exemplul hărţilor lui Cavalli-Sforza arată de ce marele său pariu a fost unul pierzător. El a avut dreptate în presupunerea că structura genetică a populaţiilor de astăzi reflectă unele dintre marile evenimente din trecutul omenirii. De exemplu, diversitatea genetică mai scăzută a non-africanilor, comparativ cu africanii, reflectă diversitatea redusă a populaţiei umane moderne care s-a răspândit în afara Africii şi a Orientului Apropiat, acum aproximativ 50 000 de ani. Dar structura actuală a populaţiilor umane nu poate restabili detaliile de fineţe ale evenimentelor ancestrale. Nu este vorba numai despre faptul că oamenii s-au amestecat cu vecinii lor, estompând semnăturile genetice ale evenimentelor din trecut. în realitate, lucrurile sunt mult mai complicate, în sensul că acum cunoaştem, din ADN-ul ancestral, că oamenii care trăiesc astăzi într-o anumită regiune nu descind, aproape niciodată, în exclusivitate, din oamenii care au trăit în aceleaşi locuri, în trecutul foarte îndepărtat.[3] în aceste condiţii, capacitatea oricărui studiu de a reconstitui deplasările din trecut ale unei populaţii, bazându-se pe populaţiile existente astăzi, este limitată. în *The History and Geography of Human Genes,* Cavalli-Sforza scria că a exclus din analiza sa populaţiile cunoscute a fi rezultat în urma unor migraţii majore, precum cele de origine europeană şi africană din Americi, care-şi datorează originea migraţiilor transatlantice din ultimii 500 de ani, sau a minorităţilor europene precum romii şi evreii. El pariase pe faptul că trecutul a fost mult mai simplu decât prezentul şi că, dacă s-ar concentra pe

populaţiile de astăzi, care nu sunt afectate de migraţii majore în istoria lor scrisă, ar fi posibil să studieze urmaşii directi ai oamenilor care au trăit în acelaşi loc, cu foarte mult timp în urmă. Dar ceea ce ne arată astăzi studiul ADN-ului ancestral este că trecutul nu a fost mai puţin complicat decât prezentul. Populaţiile umane s-au transformat în mod repetat.

Contribuţia transformatoare a lui Cavalli-Sforza la domeniul studiilor genetice ale preistoriei umane aminteşte de povestea lui Moise, acel lider vizionar a cărui realizare a fost mai mare decât a oricărui altcuiva care i-a urmat si care a creat un model nou de a privi lumea. Biblia spune „nu s-a mai ridicat în Israel niciun alt profet asemenea lui Moise”, dar mai spune şi că lui Moise nu i s-a permis să ajungă pe pământul făgăduinţei. După ce şi-a condus poporul timp de 40 de ani prin deşert, Moise a urcat pe muntele Nebo şi a privit către vest, dincolo de râul Iordan, să vadă pământul care-i fusese promis poporului său. Dar nu i s-a permis să calce pe acel pământ. Acest privilegiu fusese rezervat urmaşilor săi.

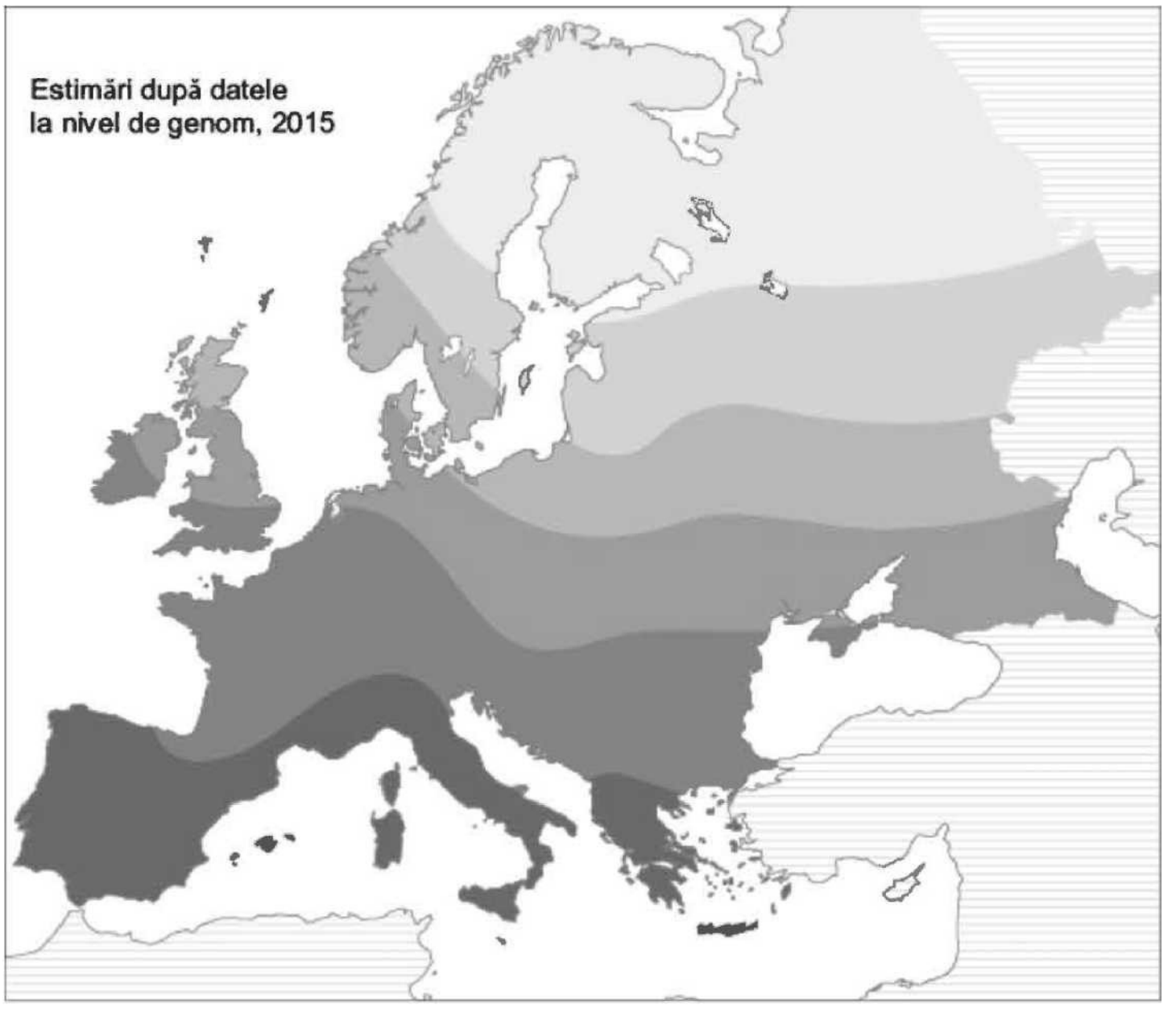



**Figura 1b.** *Datele de la nivelul genomului modern arată că gradientul iniţial al originii agricultorilor din Europa nu s-a repartizat de la sud- est către nord-vest, ci pe o direcţie aproape perpendiculară, ca rezultat al unei migraţii majore a păstorilor din est, care au înlocuit mare parte a strămoşilor primilor agricultori.*

Tot astfel s-a întâmplat şi cu studiile genetice din trecut. Cavalli-Sforza a văzut înaintea tuturor care este potenţialul geneticii în dezvăluirea trecutului omenirii, dar viziunea sa a precedat tehnologia necesară pentru a o împlini. Astăzi însă, lucrurile stau foarte diferit. Avem de câteva sute de mii de ori mai multe date şi, în plus, avem acces la bogăţia de informaţii conţinute de ADN-ul ancestral, care a devenit o sursă mult mai precisă de informaţie despre mişcările populaţiilor din trecut decât uneltele tradiţionale ale arheologiei şi lingvisticii.

Primele cinci genomuri umane străvechi au fost publicate în 2010: câteva genomuri arhaice de Neanderthalieni—, genomul arhaic al denisovanului[11] şi genomul unui individ în vârstă de aproximativ 4 000 de ani, din Groenlanda.— în următorii câţiva ani au mai fost publicate date la nivel de genom provenite de la alte cinci fiinţe umane, urmând apoi o avalanşă de date provenite de la 38 de indivizi, în 2014. Dar în 2015, analiza întregului genom al ADN- ul ancestral s-a accelerat. Trei lucrări au adăugat seturi de date la nivel de genom provenind de la alte 66 —, apoi 100— şi apoi de la alte 83 de eşantioane.— Până în august 2017, numai în laboratorul meu au fost generate informaţii la nivel de genom provenite de la mai mult de 3 000 de probe străvechi. Astăzi, producem aceste date atât de rapid, încât decalajul dintre producerea şi publicarea datelor este mai mare decât timpul necesar dublării datelor din teren.

Mare parte a tehnologiei pentru

revoluţionarea analizei genomice a ADN-ului ancestral a fost inventată de Svante Pääbo şi colegii săi de la Institutul de Antropologie Evoluţionistă Max Planck din Leipzig, Germania, care a dezvoltat-o pentru a studia probe extrem de vechi, precum cele de Neanderthalieni si denisovani străvechi. Contribuţia



mea a constat în extinderea metodelor, pentru studierea unui număr mare de probe, relativ mai recente, deşi vechi de ani întregi. Durata obişnuită de ucenicie este de şapte ani, iar eu mi-am început-o pe a mea în 2007, când am început să lucrez cu Pääbo la proiectele genomurilor de Neanderthalian şi denisovan. în 2013, Pääbo m-a ajutat să-mi înfiinţez propriul laborator de ADN ancestral – primul din Statele Unite concentrat pe studierea datelor la nivel de genom al ADN-ului ancestral. Partenerul meu în această realizare a fost Nadin Rohland care, la rândul ei, şi-a făcut cei şapte ani de ucenicie în laboratorul lui Pääbo, înainte de a veni să lucreze împreună cu mine. Ideea noastră a fost să abordăm industrial ADN-ul ancestral – să construim o „fabrică de genomică” în stil american, cu tehnicile dezvoltate în Europa, pentru a studia probele individuale.

Eu si Rohland ne-am dat seama că o tehnică dezvoltată de Matthias Meyer şi Qiaomei Fu, în laboratorul lui Pääbo, ar putea reprezenta cheia studiului, la scală industrială, a ADN-ului ancestral. Invenţia lui Meyer şi Fu s-a născut din necesitate: nevoia de a extrage ADN-ul unui om modern de acum aproximativ 40 000 de ani, din peştera Tianyuan, din China.— Când Meyer şi Fu au extras ADN-ul din oasele piciorului găsit în Tianyuan, au descoperit că numai aproximativ 0,02% din acesta provenea de la însăşi fiinţa umană.

Restul provenea de la microbii care i-au colonizat oasele, după moartea sa. Acest lucru făcea ca secvenţierea directă să fie prea costisitoare, chiar şi folosind tehnologia de 100 000 de ori mai ieftină, care a devenit disponibilă prin anul 2006. Pentru a rezolva această problemă, Meyer şi Fu au împrumutat o pagină din manualul de metode dezvoltat de medicii geneticieni. în acelaşi mod în care aceşti geneticieni au dezvoltat metode pentru izolarea ADN-ului din cele mai interesante 2 procente ale genomului, îndepărtând restul de 98%, Meyer şi Fu au izolat o mică parte din secvenţele osului de la Tianyuan, care erau umane, îndepărtând restul.

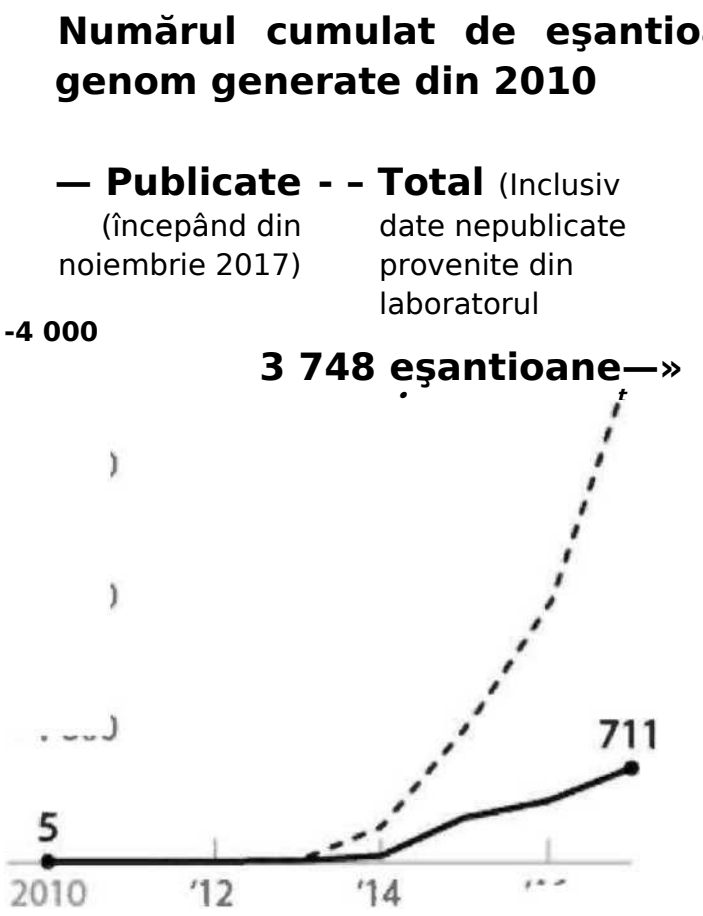



**Figura** *2. Laboratoarele de ADN ancestral produc astăzi datele atât de rapid, încât decalajul dintre producerea şi publicarea datelor este mai mare decât timpul necesar dublării datelor din teren.*

Metoda izolării ADN-ului, pe care au dezvoltat-o Meyer şi Fu, a fost esenţială pentru succesul revoluţiei ADN-ului ancestral. în anii 1990, biologii molecularişti au învăţat cum să adapteze tehnicile de gravare cu laser, inventate pentru imprimarea circuitelor electronice, cu scopul de a ataşa milioane de secvenţe ADN, la alegere, unor plachete de silicon sau de sticlă. Aceste secvenţe puteau apoi să fie tăiate de pe aceste plachete cu ajutorul unor foarfeci moleculare (enzime) şi eliberate într-un amestec apos. Meyer şi Fu au valorificat această metodă pentru a sintetiza secvenţe lungi de ADN alcătuite din 52 de litere, care, suprapunându-se, asemenea ţiglelor de pe acoperiş, au acoperit mare parte a cromozomului uman 21. Exploatând tendinţa ADN- ului de a se lega de secvenţele foarte asemănătoare, ei au „pescuit” secvenţele de ADN din Tianyuan, de care erau interesaţi, folosind drept „momeală” secvenţe pe care le-au sintetizat

în mod artificial. Au descoperit că o mare fracţiune din ADN-ul obţinut astfel aparţinea genomului din Tianyuan. Mai mult decât atât, era exact partea genomului de care erau interesaţi. Au analizat datele pentru a arăta că Tianyuan a fost un om modern timpuriu, parte a ramurii care duce la est-asiaticii din prezent. Acest om Tianyuan nu avea cantităţi deosebit de mari de genom provenite de la liniile umane arhaice, care să se fi separat, cu sute de mii de ani în urmă, de linia omului modern, lucru care a contrazis opiniile anterioare, bazate pe forma scheletului.—

Eu şi Rohland am adaptat această tehnică pentru a studia întregul genom. Am lucrat alături de colegii noştri din Germania pentru sintetizarea de secvenţe de ADN, lungi de 52 de litere, acoperind mai mult de 1 000 000 de poziţii în care se cunoaşte că oamenii prezintă variaţii. Am folosit aceste secvenţe „momeală” pentru a îmbogăţi ADN-ul uman, comparativ cu cel microbian, lucru care a condus, în anumite cazuri, la creşterea de peste o sută de ori a fracţiunii de ADN care ne interesa. Am obtinut, de asemenea, o creştere cam de zece ori a eficienţei, deoarece nu am păstrat decât acele poziţii din genom care sunt purtătoare de informaţie. Am automatizat întreaga abordare, procesând ADN-ul cu ajutorul roboţilor, care au permis unei singure persoane să studieze peste 90 de probe simultan, în decursul câtorva zile. Am angajat o echipă de tehnicieni care să transforme în pudră rămăşiţele străvechi, să extragă ADN-ul din această pudră şi apoi să transforme acest ADN extras într-o formă pe care o puteam secvenţia. Munca de laborator

a reprezentat doar începutul. 0 sarcină la fel de complicată a fost aceea de sortare a miliardelor de secvenţe de ADN în raport cu indivizii cărora le aparţinuseră, analizare a datelor şi eliminare a probelor cu dovezi de contaminare, astfel încât să creăm o bază de date uşor accesibilă. Shop Mallick, un fizician care se alăturase laboratorului meu cu şase ani înainte, ne-a programat computerele să realizeze toate aceste lucruri, reactualizând în permanenţă strategia noastră de procesare, pe măsură ce natura datelor a evoluat si volumul lor a crescut.

Rezultatele s-au dovedit a fi chiar mai bune decât sperasem. Costul producerii datelor la nivel de genom au scăzut la mai puţin de 500 de dolari pe probă. Asta însemna de multe zeci de ori mai ieftin decât secvenţierea prin forţă brută a întregului genom. Mai mult decât atât, metoda noastră a făcut posibilă obţinerea de date la nivel de genom din aproximativ jumătate din probele osoase pe care le- am investigat, deşi rata succesului a variat, evident, în funcţie de gradul de conservare a scheletelor examinate. De exemplu, am obţinut o rată de succes de aproximativ 75% în cazul probelor străvechi, provenite din ţinuturile reci ale Rusiei, dar de numai 30% în cazul probelor provenite din încinsul Orient Apropiat.

Aceste progrese au însemnat că studiul întregului genom al ADN-ului ancestral nu mai necesita investigarea unui număr mare de rămăşiţe osoase, înainte de a fi posibilă găsirea câtorva indivizi al căror ADN să poată fi analizat. în schimb, o fracţiune substanţială

din probele investigate, având o vechime de cel puţin 10 000 de ani, poate fi, acum, convertită în date de lucru la nivel de genom. Noile metode au făcut posibilă analizarea a sute de probe într-un singur studiu. Cu astfel de date este posibilă reconstituirea, în mare amănunt, a schimbărilor survenite în populaţii, fapt care transformă cunoştinţele noastre despre trecut.

Până la sfârşitul anului 2015, laboratorul meu de la Harvard de analiză a ADN-ului ancestral a publicat mai mult de jumătate din genomul ADN-ului uman ancestral din întreaga lume. Am descoperit că populaţia din nordul Europei a fost, în mare măsură, înlocuită de o migraţie de masă, care s-a petrecut acum aproximativ 5 000 de ani şi care a pornit din stepele estului Europei—; că agricultura s-a dezvoltat în Orientul Apropiat, cu mai mult de 10 000 de ani în urmă, printre numeroase populaţii umane înalt diferenţiate, care apoi s-au răspândit în toate direcţiile şi s-au amestecat între ele, în paralel cu răspândirea agriculturii—; şi că primii oameni, care au migrat în insulele îndepărtate ale Pacificului şi care şi-au început călătoria acum aproximativ 3 000 de ani, nu sunt singurii strămoşi ai locuitorilor de astăzi.— în paralel, am iniţiat un proiect de evaluare a diversităţii populaţiilor umane de astăzi, folosind un microcip pentru analizarea variaţiilor umane, pe care l-am proiectat împreună cu colaboratorii mei, în mod special, pentru a studia trecutul omenirii. Am folosit acest microcip pentru a studia peste 10 000 de indivizi din mai mult de 1 000 de

populaţii răspândite pe întreg Pământul – o bază de date care a devenit un pilon principal al studiilor referitoare la variaţia umană, nu numai în laboratorul meu, dar şi în celelalte laboratoare din întreaga lume.—

Claritatea cu care această revoluţie ne-a permis să reconstituim evenimentele din trecutul omenirii este uimitoare. îmi amintesc de o cină, la sfârşitul studiilor mele postuniversitare, la care eram împreună cu îndrumătorul meu de doctorat, David Goldstein, şi soţia sa, Kavita Nayar, ambii foşti studenţi ai lui Cavalli-Sforza. Era în 1999, cu un deceniu înaintea apariţiei ADN-ului ancestral la nivel de genom, şi visam cu toţii, cu ochii deschişi, întrebându-ne cât de corect vor putea fi reconstituite evenimentele din trecut, pornind de la urmele râmase. După explozia unei grenade într-o încăpere, ar putea oare fi reconstituită poziţia fiecărui obiect dinainte de explozie prin punerea laolaltă a ţăndărilor rămase şi studierea schijelor din pereţi? Oare ar putea limbile demult dispărute să fie reamintite prin pătrunderea într-o peşteră în care ar mai reverbera, încă, ecoul cuvintelor rostite acolo cu mii de ani în urmă? Astăzi, ADN-ul ancestral permite o asemenea reconstrucţie detaliată a relaţiilor

profunde dintre populaţiile umane antice.[1]*

în zilele noastre, variaţia genomului uman a depăşit setul tradiţional de unelte ale arheologiei – studiul artefactelor lăsate în urmă de societăţilor apuse – prin faptul că poate evidenţia modificările din cadrul populaţiilor umane din trecutul foarte

îndepărtat.— Acest lucru a reprezentat o surpriză pentru aproape toată lumea. Carl Zimmer, un jurnalist pe probleme ştiinţifice de la *The New York Times,* care a scris deseori despre acest nou domeniu, mi-a spus că atunci când a fost numit, de către conducerea jurnalului, să se ocupe de problema ADN-ului ancestral, a acceptat-o ca pe un serviciu făcut echipei de cercetători, gândindu-se că va fi o ramificaţie colaterală, minoră, faţă de interesul său ştiinţific major pentru evoluţia şi fiziologia umană. Şi-a imaginat că va scrie un articol despre acest domeniu la fiecare sase luni sau cam asa ceva, si că, după un an sau doi, valul de descoperiri se va sfârşi, în schimb, Zimmer se ocupă acum de câte o lucrare ştiinţifică majoră la fiecare câteva săptămâni, pe măsura accelerării progreselor şi a intensificării revoluţiei.

Cartea de faţă tratează tema revoluţiei genomice în studierea trecutului omenirii. Această revoluţie
constă într-o avalanşă de descoperiri bazate pe date provenite din studiul întregului genom – ceea ce înseamnă că întregul genom este analizat simultan, şi nu pe mici secvenţe, cum ar fi ADN-ul mitocondrial. Revoluţia a devenit mult mai puternică prin apariţia noilor tehnologii de extracţie, de la oamenii ancestrali, a cantităţii de ADN corespunzătoare întregului genom. Nu am încercat să schiţez o istorie a studiilor anterioare din domeniului geneticii – deceniile de analiză ştiinţifică a variaţiilor umane, care au început cu studiul variaţiilor

scheletice si au continuat cu studii ale variaţiei genetice în fragmente minuscule de genom uman. Aceste eforturi au furnizat informaţii cu privire la relaţiile dintre populaţii şi migraţii, dar aceste date au pălit în comparaţie cu informaţiile ameţitoare provenite din tranşele extraordinare de date care au început să fie disponibile după 2009. înainte şi după acest an, studiile asupra uneia sau a câtorva locaţii din genom reprezentau, uneori, baza pentru descoperiri importante, oferind dovezi în favoarea unor scenarii si în detrimentul altora. Si

totuşi, dovezile genetice dinainte de 2009 au fost, în cea mai mare parte, incidentale studiilor din alte domenii asupra trecutului uman, o slujnică sărmană a domeniului major al arheologiei. Din 2009 încoace totuşi, datele asupra întregului genom au început să conteste vechile teorii din arheologie, istorie, antropologie şi chiar şi din lingvistică – şi să rezolve controversele din aceste domenii.

Revoluţia ADN-ului ancestral clatină rapid supoziţiile noastre despre trecut. Cu toate acestea, nu există, până acum, nicio carte a unui genetician activ, care să prezinte impactul acestei noi ştiinţe şi care să explice modul în care aceasta poate fi folosită pentru stabilirea de noi teorii convingătoare. Descoperirile necesare pentru înţelegerea scopului revoluţiei ADN- ului ancestral sunt împrăştiate în cuprinsul lucrărilor ştiinţifice, scrise într-un limbaj puţin accesibil, plin de termeni greu de pronunţat, la care se adaugă, uneori, sute de pagini de note dense privitoare la metodologie. în *Cine suntem şi*

*cum am ajuns aici* doresc să ofer cititorilor o privire clară prin această fereastră extraordinară către trecut – să ofer o carte despre revoluţia ADN-ului ancestral, accesibilă cititorului de rând, dar şi specialiştilor. Intenţia mea nu este aceea de a prezenta o sinteză – domeniul evoluează mult prea rapid. Până când această carte va ajunge sub ochii cititorilor, unele progrese pe care le descriu aici vor fi fost depăşite sau chiar infirmate, în cei trei ani de când am început să scriu această carte, au apărut multe descoperiri noi, astfel încât mare parte din lucrurile pe care le descriu aici se bazează pe rezultate obţinute după ce am început. Sper ca cititorii să privească subiectele pe care le abordez ca pe nişte exemple ale forţei perturbatoare a studiilor asupra întregului genom, şi nu ca pe un rezumat definitiv al stadiului actual al ştiinţei.

Abordarea mea este aceea de a-i purta pe cititori prin procesul descoperirii, fiecare capitol servind un argument în sprijinul schimbării perspectivei cititorilor care, poate, aveau o imagine diferită despre acest subiect înainte de a începe lectura acestei cărţi, încerc să transform într-un avantaj rolul central al laboratorului meu în revoluţia ADN-ului ancestral, povestindu-vă propria mea muncă, acolo unde aceasta este relevantă – deoarece acesta este un subiect despre care pot vorbi cu mare autoritate –, prezentând în acelaşi timp şi activităţi la care nu am participat, atunci când sunt cruciale pentru această povestire. Datorită acestei abordări, cartea evidenţiază, în mod disproporţionat,

activitatea din laboratorul meu. îmi cer scuze că nu am menţionat decât o extrem de mică parte dintre cei care au adus contribuţii la fel de importante. Prioritatea mea a fost aceea de a stârni interesul şi surprinderea cu privire la revoluţia genomului şi de a-i purta pe cititori pe o cale narativă atrăgătoare, nu de a face o trecere în revistă ştiinţifică.

Scot în evidenţă, de asemenea, unele dintre marile teme care apar, în special descoperirea că amestecul între populaţii înalt diferenţiate este un proces care se repetă în trecutul omenirii. Astăzi, mulţi presupun că oamenii pot fi grupaţi biologic în grupuri „primordiale” corespunzând noţiunii noastre de „rase”, la originea cărora stau populaţii care s-au separat acum zeci de mii de ani. Dar această teorie îndelungată despre „rasă" tocmai s-a dovedit, în ultimii câţiva ani, a fi greşită – iar critica ideii de rasă oferită de noile date este foarte diferită de cea clasică, dezvoltată de antropologi, în ultima sută de ani. 0 mare surpriză care derivă din revoluţia genomului este aceea că, în trecutul relativ recent, populaţiile umane erau la fel de diferite unele de altele precum sunt astăzi, dar că liniile de demarcaţie dintre acele populaţii erau aproape de nerecunoscut faţă de cele de astăzi. Extractele de ADN provenite de la oameni care au trăit, să zicem, acum 10 000 de ani arată că structura populaţiilor umane era diferită calitativ. Populaţiile de astăzi sunt amestecuri ale populaţiilor din trecut care, la rândul lor, erau amestecuri. Afro- americanii şi populaţiile latino din Americi sunt numai ultimele din

acest lung şir de amestecuri populaţionale majore.

*Cine suntem şi cum am ajuns aici* este împărţită în trei părţi. Partea I, „Istoria profundă a speciei noastre”, descrie modul în care genomul uman nu numai că oferă întreaga informaţie de care are nevoie
un ovul fertilizat pentru a se dezvolta, dar conţine şi istoria speciei noastre. Capitolul 1, „Cum explică genomul cine suntem", argumentează că revoluţia genomului ne-a învăţat cine suntem, ca oameni, nu prin evidenţierea trăsăturilor distinctive ale biologiei noastre, comparativ cu alte animale, ci prin dezvăluirea istoriei migraţiilor şi a amestecurilor dintre populaţiile care ne-au format. Capitolul 2, „întâlnirile cu Neanderthalienii”, ne arată modul în care progresul tehnologic în studierea ADN-ului ancestral ne oferă date cu privire la Neanderthalieni, verii noştri cu creiere mari, şi arată cum s-au încrucişat aceştia cu strămoşii tuturor oamenilor ţ > *
moderni care trăiau în afara Africii. Capitolul explică, de asemenea, felul în care datele genetice pot fi folosite pentru a dovedi faptul că au avut loc amestecuri între populaţii străvechi. Capitolul 3, „ADN-ul ancestral deschide zăgazurile”, subliniază modul în care ADN-ul ancestral poate evidenţia trăsături ale trecutului pe care nimeni nu le-a anticipat, pornind de la descoperirea denisovanilor, o populaţie arhaică necunoscută anterior, a cărei existenţă nu a fost bănuită de arheologi şi care s-a amestecat cu strămoşii papuaşilor din Noua Guinee de astăzi. Secvenţierea genomului

denisovan a dezlănţuit o avalanşă de descoperiri ale altor populaţii arhaice şi amestecuri, demonstrând, în mod incontestabil, că amestecul de populaţii este o trăsătură centrală a naturii umane.

Partea a Il-a, „Cum am ajuns unde ne aflăm în prezent”, tratează modul în care revoluţia genomică şi ADN-ul ancestral au transformat înţelegerea noastră cu privire la genealogia particulară a oamenilor moderni şi îi poartă pe cititori printr-o călătorie prin lume, având drept temă unificatoare amestecul de populaţii. Capitolul 4, „Fantomele umanităţii”, introduce ideea că putem reconstitui populaţii care nu mai există într-o formă neamestecată, pe baza urmelor de material genetic pe care le-au lăsat în genomul oamenilor de astăzi. Capitolul 5, „Făurirea Europei moderne”, explică modul în care europenii de astăzi provin din trei populaţii înalt divergente, care au ajuns laolaltă, în cursul ultimelor 9 000 de ani, într-un fel pe care arheologii nu l-au anticipat niciodată, înainte de apariţia datelor oferite de ADN-ul ancestral. Capitolul 6, „Coliziunea care a dus la formarea Indiei”, explică felul în care formarea populaţiilor din sudul Asiei se aseamănă cu cea a formării europenilor. în ambele cazuri, migraţia în masă a agricultorilor din Orientul Apropiat, de acum 9 000 de ani, a dus la amestecarea cu vânător-culegătorii pre-existenţi în zonele respective, iar apoi o a doua migraţie în masă, din stepa eurasiatică, de acum 5 000 de ani, a adus un tip diferit de descendenţă şi, probabil, şi limbile indo- europene. Capitolul 7, „în căutarea strămoşilor nativilor

americani”, arată felul în care analiza ADN-ului modern şi a celui ancestral a demonstrat faptul că populaţiile americane native de dinaintea sosirii europenilor provin din multiple valuri majore de migraţie din Asia. Capitolul 8, „Originea genomică a est-asiaticilor”, descrie cât de mult din ascendenţa est-asiatică provine din expansiunea majoră a populaţiilor din zonele agricole din centrul Chinei. Capitolul 9, „Realăturarea Africii la istoria omenirii”, subliniază modul în care studiile asupra ADN-ului ancestral încep să ridice vălul de pe istoria profundă a continentului african, istorie schiţată de marea expansiune a agricultorilor, în ultimele câteva mii de ani, care au înlocuit sau s-au amestecat cu populaţiile rezidente anterioare.

Partea a III-a, „Genomul perturbator”, îşi îndreaptă atenţia asupra implicaţiilor revoluţiei genomului asupra societăţii. Oferă unele sugestii despre cum să concepem locul nostru personal în lume, conexiunile noastre cu cele peste 7 000 000 000 de oameni care trăiesc pe Pământ, alături de noi, şi cu un număr mult mai mare de oameni care ne-au populat trecutul şi ne vor popula viitorul. Capitolul 10, „Genomica inegalităţilor”, arată modul în care studierea ADN-ului ancestral a evidential istoria profundă a inegalităţilor, în privinţa puterii sociale, între diferite populaţii, între sexe şi între indivizii din cadrul unei populaţii, bazându-se pe felul în care inegalităţile determină succesul sau eşecul reproductiv. Capitolul 11, „Genomica rasei şi a identităţii”, susţine că doctrina care

a apărut în ultimul secol – ideea că populaţiile umane sunt prea strâns legate unele de altele pentru a exista diferenţe biologice substanţiale între ele – nu mai este sustenabilă, arătând, în acelaşi timp, că imaginea rasistă a lumii, care a fost oferită multă vreme drept alternativă, se află şi mai mult în conflict cu lecţiile pe care ni le oferă datele genetice. Capitolul sugerează un nou mod de a concepe aceste diferenţe dintre populaţiile umane – un mod bazat pe informaţiile oferite de revoluţia genomului. Capitolul 12, „Viitorul ADN-ului ancestral", este o discuţie despre ceea ce va urma în revoluţia genomului. Argumentează că revoluţia genomului, cu ajutorul ADN-ului ancestral, a dus la realizarea visului lui Cavalli-Sforza, dezvoltându-se ca instrument pentru investigarea populaţiilor trecute, care nu este mai puţin folositor decât instrumentele tradiţionale ale arheologiei şi lingvisticii istorice. ADN-ul ancestral şi revoluţia genomică pot oferi astăzi răspunsuri unei întrebări, de nerezolvat anterior, despre trecutul îndepărtat: ce *anume s-a întâmplat* – cum s-au înrudit oamenii ancestrali între ei si felul în care migraţiile au contribuit la schimbările evidente în înregistrările arheologice. ADN-ul ancestral ar trebui să le uşureze munca arheologilor, deoarece, răspunzându-se acestor întrebări, arheologii pot continua să investigheze lucrurile de care au fost cel puţin la fel de interesaţi întotdeauna, şi anume *din ce cauză* au apărut schimbările.

înainte de a pătrunde în miezul acestei cărţi,

voi povesti o întâmplare petrecută în timpul unei prelegeri pe care am ţinut-o la Massachusetts Institute of Technology în 2009. Prelegerea mea a fost una dintre ultimele ale semestrului, menită să condimenteze un curs care dorea să-i introducă pe studenţi în studiile genomice asistate de computer, cu scopul de a găsi tratamente pentru diferite boli. în timp ce mă refeream la istoria populaţiei indiene, un student din ciclul inferior, care stătea în mijlocul primului rând, mă privea fix, sfidător. Când am încheiat, m-a întrebat cu un rânjet: „Cum primiţi finanţare pentru astfel de studii?”

Am mormăit ceva despre cum trecutul oamenilor a modelat variaţiile genetice şi cum, pentru a identifica factorii de risc ai unor boli, este important să înţelegem acest trecut. Am dat exemplul modului în care, la miile de populaţii distincte din India, există rate crescute de risc, deoarece mutaţiile care s-a întâmplat să fie păstrate de fondatorii populaţiilor au crescut ca frecvenţă pe măsură ce grupurile s-au extins. Am adus argumente în această direcţie în cererile mele adresate Institutelor Naţionale de ?
Sănătate din Statele Unite, în care propuneam descoperirea factorilor de risc ai unor boli care apar cu frecvenţe diferite la nivelul populaţiei. Subvenţiile de acest tip au finanţat o mare parte din activitatea mea de la înfiinţarea laboratorului, în 2003.

Oricât de adevărate sunt aceste argumente, îmi doresc să fi răspuns altfel. Noi, oamenii de ştiinţă, suntem condiţionaţi de sistemul de finanţare a

cercetării să justificăm ce anume facem, din punct de vedere al aplicaţiilor practice, în domeniul sănătăţii sau al tehnologiei. Dar oare nu ar trebui preţuită şi curiozitatea intrinsecă în sine? Oare întrebarea fundamentală referitoare la cine suntem nu ar trebui să reprezinte o culme a ceea ce noi, ca specie, sperăm să realizăm? Nu este oare atributul unei societăţi luminate să preţuiască activitatea intelectuală, care s-ar putea să nu aibă un impact economic sau practic imediat? Studiile asupra trecutului uman – ca şi cele din domeniul artei, al muzicii, literaturii sau cosmologiei – sunt vitale, deoarece ne fac să fim conştienţi de aspecte ale condiţiei noastre comune, care sunt profund importante şi pe care nu ni le-am imaginat niciodată până acum.

# PARTEA I

# ISTORIA PROFUNDĂ A SPECIEI NOASTRE

# Epoca oamenilor

330 000 – 300 000 de ani În urmâ
Cele mai vechi fosile cu trăsături comune cu cele ale oamenilor moderni anatomic (Jebel Irhoud. Maroc)

~3 200 000 de ani în urmă
.Lucy" un *Australopithecus* cu poziţie bipeda (Valea Awash. Etiopia)

~1 800 000 de ani în urmă
Fosile de Homo de-a lungul intregii linii materne in afara Africii (Dmamsi. Georgia)

~160 OOO de ani În urmâ
.Eva mitocondnală"
Data celui mai recent strămos comun al tuturor oamenilor de astăzi.

770000 – de ani În urma
Estimarea genetică a separăm populaţiei intre Neanderthalieni şi san

7 000 000 – 5 000 000 de ani În urmâ
Separarea finală de strămoşii cimpanzeilor

7 000 000 de ani în

**PERIOAD**
DE

300 000 – 250 000 de ani În urmâ
Tranziţia din Epoca Mijlocie a Pietrei /

70 000 – 50 000 de ani În urma
Tranziţia din Epoca Veche a Pietrei /

300 000 de anim urmă

200 000

100 000

Prezent

vest-africani

~320 000 de ani În urmâ
Data celui mai recent strămoş comun al tuturor oamenilor de astăzi. la nivelul cromozomilor l-22
(vezi Figura 5)

est-africani

vest-eurasiatici

est-asiatici

nativi americani

350 000 am În urma – prezent

# CAPITOLUL 1

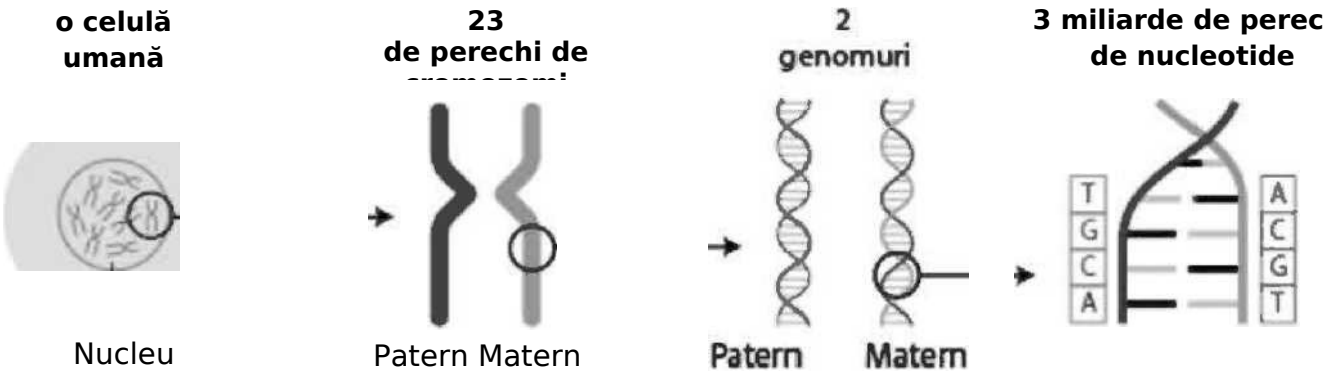
# CUM EXPLICĂ GENOMUL CINE SUNTEM

## LETOPISEŢUL FUNDAMENTAL AL VARIAŢIEI UMANE

Pentru a înţelege de ce genetica este capabilă să clarifice trecutul omenirii, este necesar să înţelegem modul în care genomul – definit drept setul complet al codului genetic, pe care fiecare dintre noi îl moşteneşte de la părinţi – înregistrează informaţia. Francis Crick, Rosalind Franklin, James Watson şi Maurice Wilkins au arătat, în 1953, că genomul este scris în lanţuri gemene, alcătuite din aproximativ trei miliarde de unităţi chimice (şase miliarde în total), la care ne putem gândi ca fiind literele unui alfabet: A (adenină), C (citozină), G (guanină) şi T (timină).[1] Ceea ce numim „genă” reprezintă fragmente foarte mici din aceste lanţuri, lungi de obicei de aproximativ 1 000 de litere, care sunt folosite drept tipare pentru asamblarea proteinelor care îndeplinesc cele mai multe sarcini în interiorul unei celule. între gene se află ADN necodificator, numit uneori şi ADN „deşeu”. Ordinea literelor poate fi citită de maşinile care execută reacţii chimice pe fragmentele de ADN, eliberând scântei luminoase pe

măsură ce reacţiile trec de-a lungul secvenţei de ADN. Reacţiile emit o culoare diferită pentru fiecare dintre cele patru litere A, C, G sau T, astfel încât secvenţa de litere poate fi înregistrată într-un computer cu ajutorul unei camere video.

Genomul poate fi înţeles ca o secvenţă de litere.




Diferenţele dintre aceste secvenţe sunt provocate de

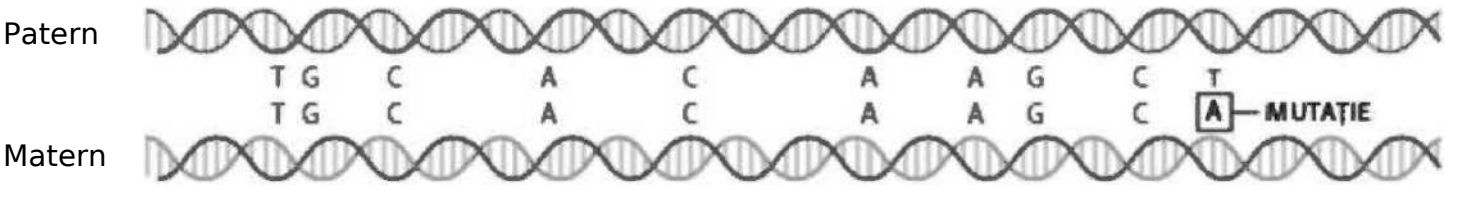



**Figura 3.** *Genomul conţine în jur de 3 OOO OOO OOO de nucleotide, pe care le putem considera ca fiind patru litere ale unui alfabet biologic: adenina (A), citozina (C), guanina (G) şi timina (T). Aproximativ 99,9% dintre aceste litere sunt identice în lungul a doua genomuri, dar în jur de O,* **I %** *sunt diferite, reflectând mutaţiile care s-au acumulat în timp. Aceste mutaţii ne spun cât de strâns înrudiţi sunt doi oameni şi înregistrează*

*informaţii extrem de precise despre trecut.*

Cu toate că majoritatea cercetătorilor se concentrează pe informaţia biologică conţinută în gene, există, de asemenea, diferenţe ocazionale între secvenţele de ADN. Aceste diferente se datorează

[*>]

erorilor aleatorii în copierea genomului (cunoscute drept mutaţii), care au apărut cândva, în trecut. Aceste diferenţe, care apar cu o frecvenţă de aproximativ una la fiecare o mie de litere, atât la nivelul genelor, cât şi la nivelul ADN necodificator, sunt cele studiate de către geneticieni pentru a afla lucruri despre trecut. La nivelul a aproximativ 3 000 000 000 de litere, există, de regulă, în jur de 3 000 000 de diferenţe între genomurile

neînrudite. Cu cât este mai mare densitatea acestor diferenţe, care separă două genomuri în oricare segment, cu atât este mai lung timpul de când respectivele segmente au avut un strămos comun, deoarece mutaţiile se acumulează, în timp, cu o rată mai mult sau mai puţin constantă. Astfel, frecvenţa diferenţelor reprezintă un cronometru biologic, o înregistrare a cât de mult timp s-a scurs de la apariţia unor evenimente-cheie, în trecut.

Prima utilizare uimitoare a geneticii la studierea trecutului a implicat ADN-ul mitocondrial. Acesta este o mică porţiune a genomului – reprezentând numai 1/200 000 din el – care este transmisă pe linie maternă,

de la mamă la fiică, la nepoată. în 1987, Allan Wilson şi colegii săi au secvenţiat câteva sute de litere din ADN-ul mitocondrial al diferitelor persoane din lume. Comparând mutaţiile descoperite în aceste secvenţe, el şi colegii săi au fost în stare să reconstituie un arbore genealogic al relaţiilor pe linie maternă. Ceea ce au descoperit a fost că cea mai profundă ramură a arborelui – cea care a părăsit trunchiul principal cel mai timpuriu – se găseşte astăzi numai la oamenii cu origine africană subsaharianã, fapt care sugerează că strămoşii oamenilor moderni au trăit în Africa. în schimb, toţi non-africanii de astăzi provin dintr-o ramură a arborelui apărută mai târziu.[2] Această descoperire a devenit o parte

importantă a sintezei triumfătoare a dovezilor arheologice, genetice şi scheletale, care au apărut în anii 1980 şi 1990, în favoarea teoriei că oamenii moderni provin din strămoşi care au trăit în Africa în ultima sută de mii de ani. Bazându-se pe rata cunoscută de acumulare a mutaţiilor, Wilson şi colegii săi au estimat că cel mai recent strămoş african al tuturor ramurilor, „Eva mitocondrială”, a trăit acum aproximativ 200 000 de ani.[3] Cea mai bună estimare actuală este de 160 000 de ani, deşi este important să ne dăm seama că, la fel ca majoritatea datele genetice, şi aceasta este imprecisă din cauza incertitudinii cu privire la rata reală de apariţie a mutaţiilor.[4]

Descoperirea unui strămoş comun atât de recent a fost incitantă, deoarece respingea „ipoteza multiregionalismului”, conform căreia oamenii de astăzi, care au trăit în multe părţi ale Africii şi Eurasiei, proveneau efectiv dintr-o răspândire mai timpurie (de acum cel puţin 1 800 000 de ani) a lui *Homo erectus,* o specie care confecţiona unelte rudimentare din piatră şi care avea un creier cu o dimensiune de aproximativ două treimi din cea a creierului nostru. Ipoteza multiregională presupunea că urmaşi ai lui *Homo erectus* au evoluat în paralel în Africa şi în Eurasia, dând naştere populaţiilor care trăiesc şi astăzi acolo. Ipoteza multiregională presupunea, deci, că ar exista secvenţe de

ADN mitocondrial la oamenii de astăzi, care sunt separate de acum aproximativ 2 000 000 de ani, corespunzând perioadei răspândirii lui *Homo erectus.* Totuşi, datele genetice nu au putut fi potrivite cu această presupunere. Faptul că, în prezent, toţi oamenii împărtăşesc un strămoş mitocondrial comun, de aproximativ zece ori mai recent, demonstrează că oamenii de astăzi provin, în mare parte, dintr-o expansiune mult mai târzie din Africa.

Dovezile antropologice înclinau către un asemenea scenariu. Cele mai timpurii schelete umane cu trăsături „moderne anatomic” – definite ca încadrându-se în gama de variaţie a tuturor oamenilor de astăzi, cu

privire la existenţa unui craniu globular şi a altor trăsături – datează de acum 200 000 – 300 000 de ani şi toate provin din Africa.[5] Totuşi, în afara Africii şi a Orientului Apropiat nu există dovezi convingătoare, mai vechi de 100 000 de ani, privind prezenţa oamenilor moderni anatomic, ci dovezi foarte limitate referitoare la prezenţa acestora cu mai mult de 50 000 de ani în urmă.[6] Dovezile arheologice oferite de tipurile de unelte de piatră subliniază, de asemenea, o schimbare marcantă, petrecută acum aproximativ 50 000 de ani, o perioadă numită de arheologii din vestul Eurasiei Paleoliticul Superior, iar de către arheologii din Africa, Epoca Veche a Pietrei. După acest moment, tehnologia

producerii uneltelor din piatră s-a modificat foarte mult şi au apărut schimbări ale stilului de confecţionare, la fiecare câteva mii de ani, comparativ cu ritmul anterior foarte lent al schimbărilor. Oamenii din această perioadă au început, de asemenea, să lase în urmă tot mai multe artefacte, care le reflectă viaţa estetică şi spirituală: mărgele realizate din coajă de ou de struţ, brăţări din piatră şlefuită, vopsea de corp făcută din oxid de fier roşu şi primele forme de artă reprezentaţională din lume. Cea mai veche figurină din lume cunoscută până acum este aceea a „omului-leu”, veche de 40
OOO de ani, sculptată în fildeş de mamut şi găsită în Hohlenstein-Stadel, în Germania.[7]

Picturile de acum aproximativ 30 000 de ani, găsite pe pereţii peşterii Chauvet, din Franţa, şi reprezentând animale din perioada pre-glaciară, sunt recunoscute şi astăzi drept forme de artă transcendentală.

Accelerarea dramatică a schimbărilor în sfera dovezilor arheologice, după perioada de acum aproximativ 50 000 de ani, este reflectată şi de dovezi ale schimbărilor la nivelul populaţiei. Neanderthalienii, care au evoluat în Europa acum aproximativ 400 000 de ani şi sunt consideraţi „arhaici”, în sensul că scheletul lor nu se potrivea cu variaţiile umane de astăzi, au dispărut din ultimul lor refugiu din vestul Europei, într-o perioadă cuprinsă între 41 000 şi 39 000 de ani în

urmă, la câteva mii de ani după sosirea oamenilor moderni.[8] Schimbarea populaţiei a avut loc şi în alte părţi ale Eurasiei, ca şi în sudul Africii, unde există dovezi ale abandonării aşezărilor si ale unei apariţii bruşte a culturilor Epocii Vechi a Pietrei.[9]

Explicaţia naturală pentru toate aceste schimbări a fost răspândirea oamenilor moderni anatomic, ai căror strămoşi o includeau şi pe „Eva mitocondrială”, care practicau o cultură nouă şi sofisticată şi care au înlocuit în mare parte oamenii care trăiau anterior în acele locuri.

## CÂNTECUL DE SIRENĂ AL COMUTATORULUI GENETIC

Descoperirea faptului că genetica poate ajuta la diferen-ţierea între ipoteze concurente referitoare la originea omului a condus, în anii 1980 şi 1990, la o exuberanţă în legătură cu forţa acestei discipline de a oferi explicaţii simple. Unii chiar se întrebau dacă genetica nu ar putea să facă mai mult decât să furnizeze un sprijin dovezilor referitoare la răspândirea oamenilor moderni în afara Africii şi a Orientului Apropiat, după momentul de acum aproximativ 50 000 de ani. Ar fi putut fi posibil ca genele să fie, de asemenea, cauza acestei răspândiri, oferind o explicaţie la fel de simplă şi de frumoasă precum cea a codului de patru litere scris în ADN, pentru accelerarea ritmului

schimbărilor înregistrate de dovezile arheologice.

Antropologul cel mai bine cunoscut pentru faptul că a adoptat ideea conform căreia o modificare genetică ar putea explica felul în care am ajuns să fim deosebiţi de predecesorii noştri a fost Richard Klein. El a avansat ideea că revoluţia din Epoca Veche a Pietrei, din Africa, şi revoluţia din Paleoli-ticul Superior, din vestul Eurasiei, atunci când a înflorit pe deplin comportamentul oamenilor moderni, cu aproximativ 50 000 de ani în urmă, s-a datorat creşterii frecvenţei unei singure mutaţii a unei gene care influenţa biologia creierului şi care a permis confecţionarea de unelte inovatoare si

dezvoltarea unui comportament complex.

Conform teoriei lui Klein, creşterea frecvenţei acestei mutaţii i-a pregătit pe oameni pentru dobândirea unei trăsături precum este capacitatea de a folosi limbajul conceptual. Klein considera că, înainte de apariţia acestei mutaţii, oamenii nu erau capabili de comportamente moderne. El îşi sprijinea ideea pe exemple provenite de la alte specii, la care un număr mic de modificări genetice au condus la adaptări majore, cum ar fi cele cinci modificări care sunt suficiente pentru a transforma micile spice ale *Zea mays parviglumis,* cunoscute în Mexic sub numele de *teosinte,* în ştiuleţii enormi de porumb pe care-i cumpărăm astăzi

de la supermarket.[10]

Ipoteza lui Klein a fost intens criticată aproape imediat ce a fost formulată, mai ales de către arheologii Sally McBrearty şi Alison Brooks, care au arătat că aproape fiecare trăsătură considerată de Klein ca fiind o caracteristică distinctivă a comportamentului omului modern era prezentă, în mod evident, în dovezile arheologice din Africa şi Orientul Apropiat, cu zeci de mii de ani înainte de trecerea la Paleoliticul Superior sau la Epoca Veche a Pietrei.[11] Dar chiar dacă niciunul dintre respectivele comportamente nu era nou, Klein atinsese un subiect important. Sporirea dovezilor referitoare la un comportament modern uman cu 50 000 de ani

în urmă este un fapt incontestabil şi ridică problema dacă nu cumva modificările biologice au contribuit la aceasta.

Un genetician care a atins vârsta majoratului în această perioadă de entuziasm cu privire la puterea geneticii de a oferi explicaţii simple pentru marile mistere a fost Svante Păăbo, care a ajuns în laboratorul lui Allan Wilson imediat după descoperirea „Evei mitocondriale” şi care a mers mai departe, inventând cea mai mare parte a uneltelor necesare revoluţiei ADN-ului ancestral si secventiind genomul omului de Neanderthal. în 2002, Păăbo şi colegii săi au descoperit două mutaţii ale genei FOXP2 care păreau să fie candidate pentru propulsarea marilor

schimbări care au avut loc începând de acum 50 000 de ani. în anul anterior, medicii geneticieni au identificat FOXP2 ca fiind o genă care, atunci când suferă mutaţii, produce un sindrom extraordinar; cei care suferă de el au capacităţi cognitive în limite normale, dar nu pot folosi limbajul complex, inclusiv cea mai mare parte a gramaticii.[12] Pääbo şi colegii săi au arătat că proteina produsă de gena FOXP2 a rămas aproape nemodificată în decursul mai multor sute de milioane de ani de evoluţie, care i-a separat pe cimpanzei de şoareci. Cu toate acestea, două modificări ale acestei proteine au apărut doar pe linia umană, de vreme ce această linie s-a separat din populaţia ancestrală

comună a oamenilor şi cimpanzeilor, arătând că gena a evoluat mult mai rapid pe linia umană.[13] Lucrări ulterioare ale lui Pääbo şi ale colegilor săi au scos la iveală faptul că şoarecii modificaţi genetic cu versiuni umane ale FOXP2 sunt identici cu şoarecii normali în cele mai multe privinţe, dar chiţăie diferit, observaţie care se potriveşte ideii că aceste schimbări afectează formarea sunetelor.[14] Aceste două mutatii ale FOXP2 nu ar fi putut să contribuie la modificările care au avut loc acum 50 000 de ani, deoarece Neanderthalienii le aveau si ei[15], însă Pääbo si colaboratorii au identificat mai târziu o a treia mutaţie, care este prezentă la aproape toţi oamenii din ziua de astăzi si care influenţează

când si în care celule este activată gena FOXP2 pentru a produce respectiva proteină. Această mutaţie este absentă la Neanderthalieni, reprezentând astfel un candidat genetic care a contribuit, probabil, la evoluţia oamenilor moderni, după separarea lor de Neanderthalieni, cu sute de mii de ani în urmă.[16]

Indiferent de cât de importantă este FOXP2 în sine, pentru biologia oamenilor moderni, Pääbo citează cercetarea bazelor genetice ale comportamentului oamenilor moderni ca justificare pentru secvenţierea genomurilor oamenilor arhaici.[17] între 2010 şi 2013, când a condus o serie de studii în care a publicat secvenţierea întregului genom al oamenilor

arhaici de tipul Neanderthalian, lucrările lui Pääbo au evidenţiat o listă cuprinzând aproximativ 100 000 de locuri din genom în care aproape toţi oamenii actuali prezintă mutaţii care sunt absente la Neanderthalieni.[18] Există cu siguranţă modificări biologice importante cuprinse în această listă, dar ne aflăm doar la începutul procesului de determinare a ce anume reprezintă aceste diferenţe, fapt care reflectă o problemă de ordin mai general, aceea că suntem asemenea unor copii de grădiniţă în privinţa capacităţii noastre de a citi genomul. Deşi am învăţat să decodificăm cuvinte separate – întrucât ştim cum se transformă o secvenţă de litere ADN într-o proteină încă nu

putem formula propoziţii.

Tristul adevăr este că putem număra pe degetele de la două mâini exemplele de mutaţii de tipul FOXP2, care au crescut ca frecventă la Strămoşii oamenilor sub presiunea selecţiei naturale şi ale căror funcţii le înţelegem parţial. în fiecare dintre aceste cazuri, revelaţiile au venit numai după ani de luptă corp la corp cu secretele vieţii, luptă dusă de studenţii, doctoranzii sau cercetătorii postdoctoral! care au modificat genetic şoareci sau peşti, fapt care sugerează că va fi nevoie de un Proiect Manhattan în domeniul evoluţiei pentru a înţelege funcţia fiecărei mutaţii pe care noi o avem, iar Neanderthalienii, nu. Acest Proiect

Manhattan al biologiei umane evoluţioniste este unul căruia noi, ca specie, ar trebui să i ne dedicăm. Dar şi atunci când va fi realizat, mă tem că descoperirile vor fi atât de complicate – cu atât de multe modificări genetice individuale, care contribuie la ceea ce-i face pe oameni să fie diferiţi –, încât puţini oameni vor găsi răspunsul uşor de înţeles. în timp ce problema ştiinţifică este deosebit de importantă, mă aştept să nu se găsească niciodată o explicaţie moleculară, elegantă intelectual şi satisfăcătoare emoţional, cu privire la modernitatea comportamentală.

Dar chiar dacă studierea a numai câtorva locaţii din genom nu va oferi o explicaţie

satisfăcătoare a modului în care au evoluat oamenii moderni, marea surpriză pe care o reprezintă revoluţia genomului constă în explicaţiile pe care începe să le ofere dintr- o altă perspectivă – aceea a istoriei. Prin înţelegerea întregului genom – trecând dincolo de felia subţire de trecut cuprinsă în ADN-ul mitocondrial şi cel al cromozomului Y, şi acceptând istoria trecutului nostru, relatată de multitudinea strămoşilor noştri şi scrisă în arhiva întregului nostru genom –, am început deja să creionăm o nouă imagine a modului în care am ajuns să fim aşa cum suntem. Această explicaţie bazată pe migraţii şi amestecul de populaţii reprezintă subiectul acestei cărţi.

## O SUTĂ DE MII DE ADAMI SI DE EVE

Atunci când, în 1987, jurnalistul Roger Lewin a numit Strămoşul matern comun tuturor oamenilor ,
existenţi astăzi „Eva mitocondrială”, el a evocat o istorie a creaţiei – aceea a unei femei care a fost mama noastră, a tuturor, şi ai cărei urmaşi s-au răspândit pe întreg Pământul.[19] Numele a captivat imaginaţia colectivă şi este încă folosit, nu numai de către public, ci şi de către mulţi oameni de ştiinţă, pentru a se referi la acest strămoş matern comun. Dar numele a fost mai curând derutant decât folositor. A alimentat impresia greşită că întregul nostru ADN provine de la doi strămoşi precişi şi că, pentru a învăţa

despre istoria noastră, este suficient să trasăm pur şi simplu o linie maternă pură reprezentată de ADN-ul mitocondrial şi o linie paternă pură reprezentată de cromozomul Y. Inspirat de această posibilitate, „Proiectul Genografic”, început în 2005 de National Geographic Society, a colectat date despre ADN-ul mitocondrial şi cromozomul Y de la aproape 1 000 000 de persoane din diferite grupuri etnice. Doar că proiectul era depăşit încă dinainte de a fi început. A fost, în mare parte, un proiect recreaţional şi a produs puţine rezultate ştiinţifice interesante. De la bun început era clar că cea mai mare parte a informaţiei despre trecutul omului, prezentă în ADN-ul mitocondrial şi în cromozomul Y,

fusese deja explorată şi că existau poveşti cu mult mai bogate, ascunse în întregul genom.

Adevărul este că genomul conţine istoriile multor strămoşi diferiţi – zeci de mii de linii genealogice independente, nu numai cele două ale căror trasee pot fi indicate de ADN-ul mitocondrial şi cromozomul Y. Pentru a înţelege acest lucru, trebuie să realizăm că, dincolo de ADN-ul mitocondrial, genomul nu este o secvenţă continuă, provenită de la un singur strămoş, ci este, în schimb, un mozaic. 46 dintre piesele mozaicului, ca să spunem aşa, sunt cromozomii – segmente lungi de ADN, separate fizic în celulă. Un genom constă în 23 de cromozomi, şi pentru că fiecare persoană poartă două genomuri, câte

unul de la fiecare părinte, numărul total este de 46 de cromozomi.

Dar cromozomii, în sine, sunt şi ei mozaicuri alcătuite din piese şi mai mici. De exemplu, prima treime a unui cromozom, pe care o femeie o transmite ovulului său, poate să provină de la tatăl ei, iar celelalte două treimi, de la mama sa, ca urmare a unei matisări în ovare a copiilor de cromozomi de la mama si de la tatăl ei. Femelele creează o medie de aproximativ 45 de noi matisări atunci când produc ovulele, în timp ce masculii creează numai aproximativ 26 de matisări, când produc sperma, rezultând un total de aproximativ 71 de noi matisări în fiecare generaţie.[20] Astfel, pe măsură ce

trasăm înapoi, în timp, fiecare generaţie, genomul fiecărei persoane este provenit dintr-un număr din ce în ce mai mare de segmente ancestrale matisate.

Asta înseamnă că genomurile noastre conţin în interiorul lor o multitudine de strămoşi. Genomul

*

fiecărei persoane este derivat din 47 de segmente de ADN, corespunzătoare cromozomilor transmişi de la mamă şi de la tată, plus ADN-ul mitocondrial. Cu o generaţie în urmă, genomul res-pectivei persoane era derivat din 118 fragmente (47 + 71) de ADN transmise de părinţii săi. Două generaţii în urmă, numărul de fragmente

ancestrale de ADN creşte la aproximativ 189, 47 + 71 + 71, transmise de la cei patru bunici. Dacă privim mai departe în trecut, numărul de fragmente ancestrale de ADN creşte rapid prin dublarea strămoşilor. Cu zece generaţii în urmă, de exemplu, numărul de fragmente ancestrale de ADN este de aproximativ 757, dar numărul strămoşilor a ajuns la 1 024, ceea ce garantează că fiecare persoană are câteva sute de strămoşi de la care nu a primit niciun pic de ADN. După 20 de generaţii, numărul de strămoşi este de aproape 1 000 de ori mai mare decât numărul de fragmente ancestrale din genomul unei persoane, astfel încât este o certitudine faptul că fiecare persoană nu a moştenit niciun fel

de ADN din partea majorităţii Strămoşilor săi.

Aceste calcule reflectă faptul că genealogia unei persoane, aşa cum este ea reconstruită din date istorice, nu este acelaşi lucru cu moştenirea genetică. Biblia şi cronicile familiilor regale consemnează cine a născut pe cine de-a lungul a zeci de generaţii. Cu toate acestea, chiar dacă genealogiile sunt corecte, regina Elisabeta a Il-a a Angliei aproape cu certitudine nu a moştenit niciun fel de ADN de la William de Normandia, care a cucerit Anglia in 1066 şi despre care se crede că este strămoşul ei de acum 24 de generaţii.[21] Asta nu înseamnă că regina Elisabeta a Il-a nu a moştenit ADN de la strămoşi atât

* *

de îndepărtaţi în timp, ci că numai aproximativ 1 751 dintre cei 16 777 216 strămoşi genealogici ai săi au contribuit cu vreun pic de material genetic la ADN-ul acesteia. Aceasta reprezintă o fracţiune atât de mică, încât singurul mod în care William ar fi putut să fie, în mod plauzibil, strămoşul său genetic este dacă ar fi fost strămoşul său genealogic pe mii de căi genealogice diferite, ceea ce pare puţin probabil, chiar dacă se ia în considerare nivelul înalt de consangvinizare din cadrul familiei regale a Angliei.

Mergând mai adânc înapoi, în timp, genomul unei persoane se împrăştie în din ce

în ce mai multe fragmente ancestrale de ADN, răspândite în rândul unui număr din ce în ce mai mare de strămoşi. Mergând cu 50 000 de ani în urmă, genomul nostru este împrăştiat în mai mult de 100 000 de fragmente ancestrale de ADN, mai multe decât numărul de oameni care au trăit în oricare populaţie la vremea respectivă, astfel încât moştenim ADN de la aproape toţi cei care au făcut parte din populaţia ancestrală şi care au avut un număr substantial de descendenti în acele vremuri de mult trecute.

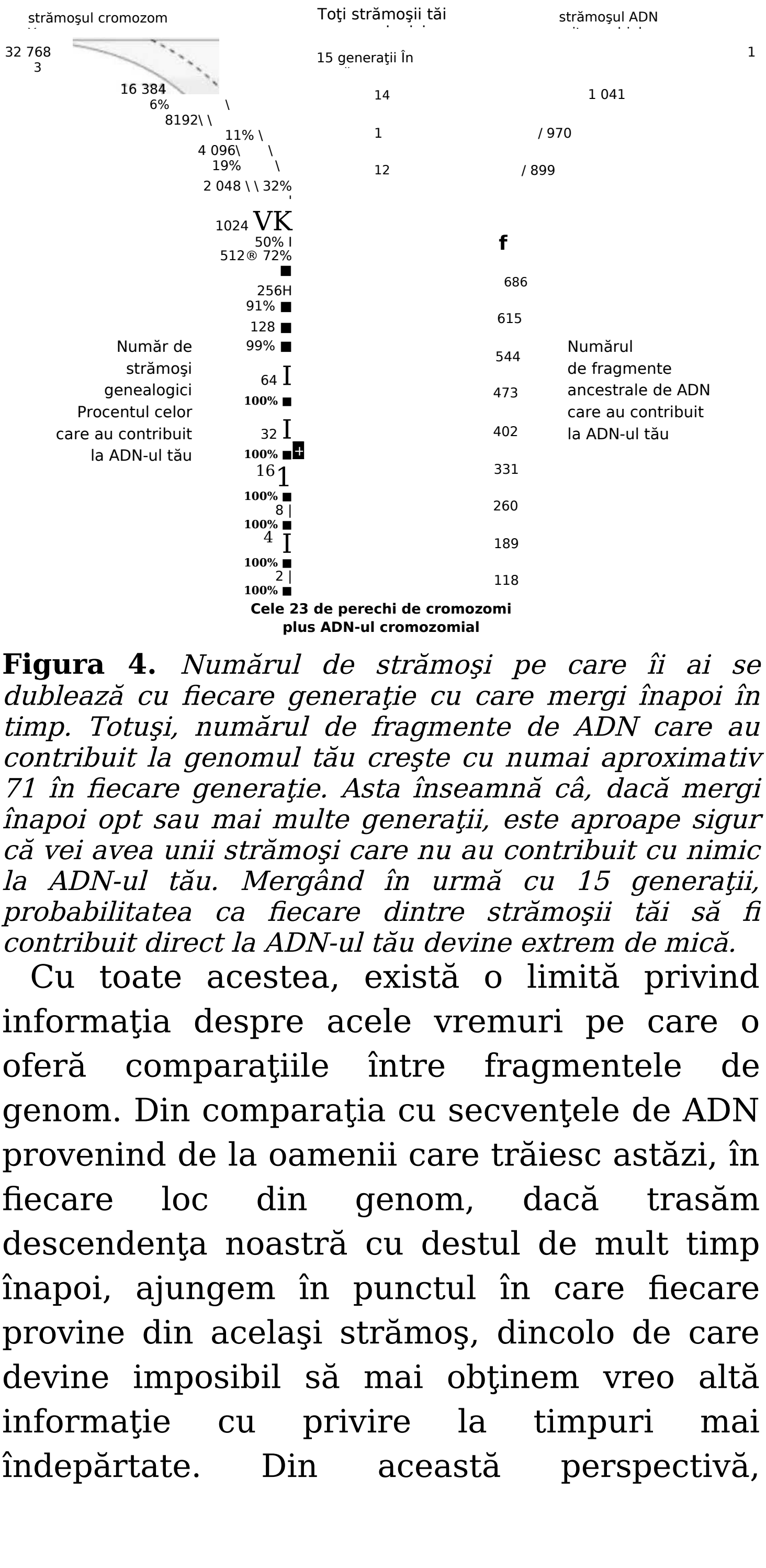



**Figura 4.** *Numărul de strămoşi pe care îi ai se dublează cu fiecare generaţie cu care mergi înapoi în timp. Totuşi, numărul de fragmente de ADN care au contribuit la genomul tău creşte cu numai aproximativ 71 în fiecare generaţie. Asta înseamnă că, dacă mergi înapoi opt sau mai multe generaţii, este aproape sigur că vei avea unii strămoşi care nu au contribuit cu nimic la ADN-ul tău. Mergând în urmă cu 15 generaţii, probabilitatea ca fiecare dintre strămoşii tăi să fi contribuit direct la ADN-ul tău devine extrem de mică.*

Cu toate acestea, există o limită privind informaţia despre acele vremuri pe care o oferă comparaţiile între fragmentele de genom. Din comparaţia cu secvenţele de ADN provenind de la oamenii care trăiesc astăzi, în fiecare loc din genom, dacă trasăm descendenţa noastră cu destul de mult timp înapoi, ajungem în punctul în care fiecare provine din acelaşi strămoş, dincolo de care devine imposibil să mai obţinem vreo altă informaţie cu privire la timpuri mai îndepărtate. Din această perspectivă,

strămoşul comun al oricărui punct din genom este ca o gaură neagră din astrofizică, din care nu poate scăpa nicio informaţie despre vremuri mai îndepărtate. în cazul ADN-ului mitocondrial, această gaură neagră apare în urmă cu 160 000 de ani, perioada „Evei mitocondriale”. Pentru majoritatea restului genomului, gaura neagră apare în perioada cuprinsă între acum 5 000 000 şi 1 000 000 de ani, astfel încât restul genomului poate oferi informaţii despre un timp cu mult mai îndepărtat decât este posibil prin analizarea ADN-ului mitocondrial.[22] Dincolo de această limită, totul devine negru.

Puterea de a urmări această multitudine de descendenţe pentru a evidenţia trecutul este extraordinară. în imaginaţia mea, când mă gândesc la genom, îl văd nu ca pe un lucru din prezent, ci ca pe unul profund înrădăcinat în timp, o tapiserie de fire constând în linii de descendentă si secvenţe de ADN copiate de la părinte la copil, care şerpuiesc până în trecutul îndepărtat. Urmărindu-le înapoi în trecut, aceste fire se întreţes prin din ce în ce mai mulţi strămoşi, oferind informaţii despre dimensiunea populaţiei şi substructura sa, în fiecare generaţie.

Când se spune, de exemplu, despre o persoană afro-americană că are o descendentă 80% vest- africană şi 20% europeană, se afirmă că, acum aproximativ 500 de ani, înainte ca migraţia şi amestecul populaţiilor să se fi accelerat prin colonialismul european, 80% dintre firele ancestrale ale descendenţei persoanei

respective erau probabil localizate în vestul Africii, iar restul trăiau probabil în Europa. Dar astfel de afirmaţii sunt asemenea cadrelor dintr-un film, capturând doar un punct din trecut. O perspectivă la fel de valabilă este şi aceea că, acum 100 000 de ani, majoritatea strămoşilor afro-americani, asemenea celor ai tuturor oamenilor de astăzi, se aflau în Africa.

## ISTORIA SPUSĂ DE MULŢIMILE DIN GENOMURILE J NOASTRE

în 2001, genomul uman a fost secvenţial pentru prima dată – ceea ce înseamnă că majoritatea literelor sale chimice a fost citită. Aproximativ 70% din secvenţiere provenea de la un singur individ, un afro-american[23], alte câteva proveneau de la alte persoane. Nu mai târziu de 2006, companiile au început să vândă roboţi care au redus costul citirii literelor ADN de mai mult de 10 000 de ori şi, curând după aceea, de mai mult de 100 000 de ori, făcând cartografierea genomului mai multor oameni mult mai economică. Astfel a devenit posibilă compararea de secvenţe, nu numai din câteva locaţii izolate, cum ar fi ADN-ul mitocondrial, ci din întregul genom. Acest lucru a făcut posibilă reconstruirea zecilor de mii de linii ancestrale ale fiecărei persoane. Faptul acesta a revoluţionat studierea trecutului. Oamenii de ştiinţă puteau să obţină date cu ordin de mărime mai mare şi să testeze dacă istoria speciei noastre, sugerată de întregul genom, era

aceeaşi cu cea spusă de ADN-ul mitocondrial si de cromozomul Y.

O lucrare din 2011, a lui Heng Li şi Richard Durbin, a arătat că ideea că genomul unei singure persoane conţine informaţii despre o multitudine de strămoşi nu este doar o posibilitate teoretică, ci şi o realitate. Pentru a descifra istoria profundă a unei populaţii din ADN-ul unei singure persoane, Li şi Durbin au exploatat faptul că fiecare persoană poartă, în realitate, nu unul, ci două genomuri: unul provenit de la mamă şi celălalt provenit de la tată.[24] Astfel, este posibil să calculăm numărul de mutaţii care separă genomul pe care o persoană îl primeşte de la mamă de cel provenit de la tată, pentru a determina dacă împărtăşesc vreun strămoş comun pentru fiecare locaţie. Prin examinarea intervalului de timp în care au trăit aceşti strămoşi – reprezentând grafic vârstele a 100 000 de Adami şi de Eve –, Li şi Durbin au stabilit dimensiunea populaţiei ancestrale la diferite momente. într-o populaţie mică, există şanse substanţiale ca două secvenţe de genom, alese la întâmplare, să provină dintr-o secvenţă a aceluiaşi părinte, deoarece indivizii care le poartă au un părinte comun. Totuşi, în cazul unei populaţii largi, şansele sunt mult mai scăzute. Astfel, perioadele din trecut, când dimensiunea populaţiei era scăzută, pot fi identificate bazându-ne pe perioadele din trecut în care o fracţiune disproporţionată de descendenţe evidenţiază împărtăşirea strămoşilor comuni. Walt Whitman, în poemul *Cântec despre mine,*

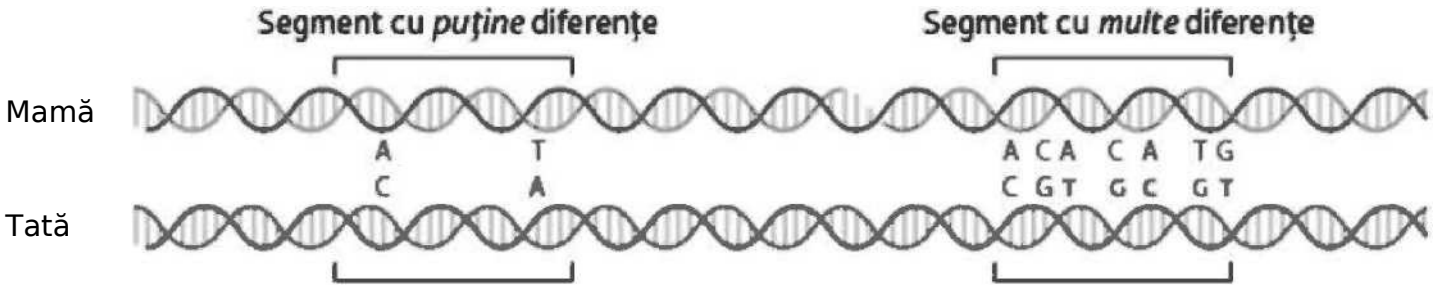
scria „Mă contrazic?/ E-n regulă, mă contrazic,/ (Sunt vast, cuprind mulţimi în mine)”. La fel de bine, ar fi putut Whitman să vorbească despre experimentul lui Li şi Durbin şi despre demonstraţia că o întreagă istorie a unei populaţii este cuprinsă într-o singură persoană, aşa cum s-a arătat prin multitudinea de strămoşi ale căror istorii sunt înregistrate în genomul acelei persoane.

O descoperire neanticipată a studiului lui Li şi Durbin a fost aceea că, după separarea populaţiilor non-africane de cele africane, a existat o perioadă îndelungată de istorie comună a non-africanilor, pe vremea când populaţiile erau de dimensiuni mici, după cum se reflectă în dovada multor strămoşi comuni care s-au răspândit timp de zeci de mii de ani.[25]

Un „eveniment de gâtuire” *(bottleneck event)* împărtăşit de non-africani – când un număr mic de strămoşi au dat naştere unui număr mare de descendenţi de astăzi – nu era o descoperire nouă. Dar înaintea studiului lui Li şi Durbin, nu existau informaţii valabile cu privire la durata acestui eveniment şi părea plauzibil că ar fi durat numai câteva generaţii – de exemplu, o mică ceată de oameni care traversează Sahara spre nordul Africii sau din Africa spre Asia. Dovezile lui Li şi Durbin referitoare la perioada extinsă de existenţă a unei populaţii de mici dimensiuni au fost, de asemenea, greu de potrivit cu ideea unei expansiuni neîncetate a oamenilor moderni atât în interiorul Africii, cât şi în afara ei, acum aproximativ 50 000 de ani. Este posibil

ca istoria noastră să nu fie la fel de simplă ca istoria unui grup dominant care a avut succes imediat, oriunde s-a dus.

Fiecare dintre noi are două genomuri: unul de la mamă şi celalalt de la tata. Unele segmente sunt mai asemănătoare decât altele. Cu cât există mai multe diferenţe – sau mutaţii – într-un anumit segment, cu atât mai lung este timpul de când copii ale acestor gene ne-au fost lăsate moştenire de strămoşul comun al părinţilor noştri.




Indică *o perioadă scurtă* de la împărtăşirea unui strămoş comun, de exemplu:

Indică *o perioadă îndelungată* de la împărtăşirea unui strămoş comun:

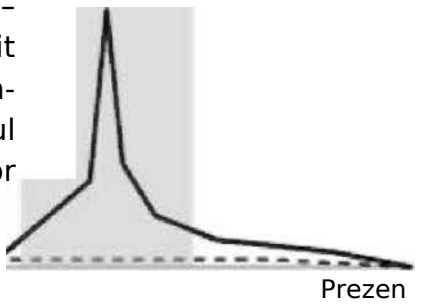
Pentru fiecare pereche de genomuri non-africane. mai mult de 20% dintre genele individuale împărtăşesc un strămoş comun acum 90 000 – 50 000 de ani h urmă. Acest lucru reflectă efectul de .gâtuire genetică" a populaţiei, când un număr mic de indivizi fondatori ai unei populaţii au dat naştere unui număr mare de descendenţi care trăiesc astăzi în afara Africii.

Probabilitatea ca o pereche de genomuri sa împărtăşească un strămoş comun în acest moment

----- non-african

— african

90 000 – 50 000 de ani în urmă
Gâtuirea genetică a populaţiei – 24% din secvenţe au împărtăşit un strămoş comun în cazul non-africanilor, '•l%.în cazul africanilor



300 000 de ani în

200 000

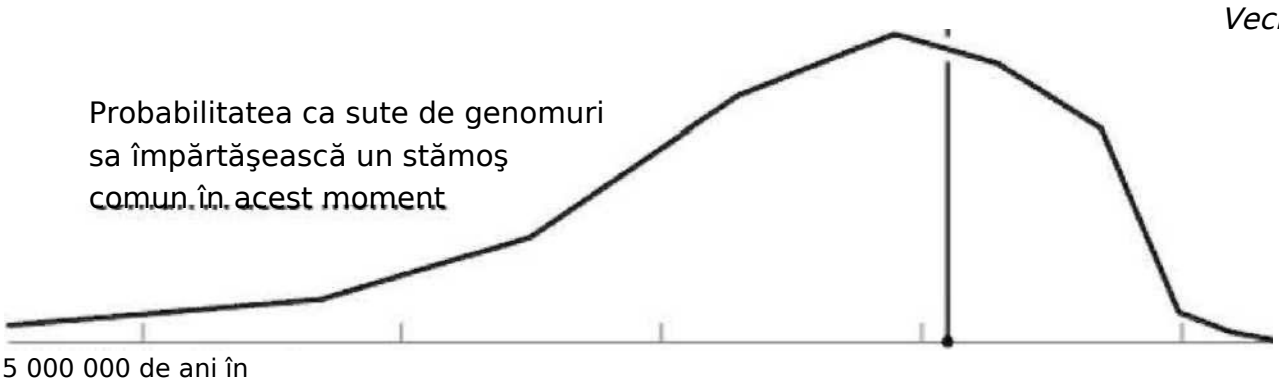
100

Prezen

❸ în rândul cromozomilor l-22, cel mai recent strămos comun al tuturor oamenilor de astăzi se plasează într-o perioadă cuprinsă între acum 5 000 000 şi 1 000 000 de ani în urmă şi nu este estimat a fi mai recent decât acum 320 000 de ani.

**-l 900 000 de ani în urmă**
Strămoşul comun al tuturor oamenilor, la o genă importantă pentru vorbire şi *FOXP2*

**70 000 – 50 de ani în urmă**
*Tranziţia la Superior şi la Epoca Veche a Pietrei*




5 000 000 de ani în

Prezen

**Figura 5.** *Cum putem spune cât de mult timp a trecut de când genele noastre au împărtăşit strămoşi comuni*

## CUM PERSPECTIVA ÎNTREGULUI GENOM A PUS CAPĂT EXPLICAŢIILOR SIMPLE

Nou descoperita capacitate de a vedea întregul genom al biologiei umane, devenită posibilă prin salturile tehnologice din ultimele decenii, a permis reconstituirea istoriei populaţiei în mult mai mare detaliu decât fusese posibil înainte. Astfel s-a demonstrat că imaginea simplă oferită de ADN-ul mitocondrial şi poveştile exacte despre una sau câteva schimbări care ar fi propulsat tranziţiile către Paleoliticul Superior sau Epoca Veche a Pietrei, când comportamentul uman identificabil a devenit larg răspândit, aşa după cum se reflectă în şantierele arheologice din Africa şi Asia, nu mai sunt sustenabile.

în 2016, eu şi colegii mei am folosit o adaptare a metodei lui Li şi Durbin[26] pentru a compara populaţiile din întreaga lume cu cea mai timpurie ramificaţie a descendenţei oamenilor moderni, care a contribuit într-o mare proporţie la descendenţa unei populaţii care trăieşte astăzi: una care a adus contribuţia cea mai importantă la moştenirea populaţiei san de vânător-culegători din sudul Africii. Studiul nostru[27], ca şi multe altele[28], a descoperit că separarea a început acum aproximativ 200 000 de ani şi a fost aproape completă după mai mult de 100 000 de ani. Dovada constă în faptul că densitatea mutaţiilor care separă genomurile san de genomurile non-san este uniform crescută, ceea ce sugerează un număr redus de

strămoşi comuni, în ultima 100 000 de ani, între san şi non-san. Grupurile de „pigmei” din pădurile Africii Centrale posedă o moştenire probabil la fel de distinctă. Izolarea extrem de timpurie a unor perechi de populaţii umane contravine ideii că a apărut o singură mutaţie esenţială, care să diferenţieze comportamentul oamenilor moderni, cu puţin timp înainte de Paleoliticul Superior şi Epoca Veche a Pietrei. O asemenea modificare esenţială pentru comportamentul oamenilor moderni, în acest interval de timp, ar fi de aşteptat să se întâlnească cu o mare frecvenţă la unele populaţii umane de astăzi – acelea care descind din populaţia în care a apărut mutatia – si să fie absentă sau foarte rară la ceilalţi.

Dar acest lucru pare dificil de conciliat cu faptul că astăzi toţi oamenii sunt capabili să utilizeze un limbaj conceptual şi să îşi inoveze cultura, într-un mod care reprezintă o caracteristică esenţială a oamenilor moderni.

O a doua problemă legată de noţiunea de comutator genetic a devenit evidentă atunci când am aplicat metoda lui Li şi Durbin pentru a căuta locurile în care toate genomurile pe care le-am studiat împărtăşeau un strămoş comun, în perioada anterioară Paleoliticului Superior şi a Epocii Vechi a Pietrei. în cazul genei FOXP2 – gena care părea, pe baza studiilor anterioare, să fie cel mai bun candidat pentru rolul de comutator –, am descoperit că strămoşul comun al tuturor celor care trăiesc astăzi (asta însemnând persoana la care a apărut, ultima dată, o copie a genei FOXP2 a umanităţii modeme) a

trăit cu mai mult de 1 000 000 de ani în urmă.[29]

Extinzându-ne analiza la întregul genom, nu am putut găsi nicio locaţie – în afară de ADN-ul mitocondrial şi de cromozomul Y în care aproape toată lumea să împărtăşească un strămoş comun, care să fi trăit acum mai puţin de 320 000 de ani. Acesta este un interval de timp cu mult mai mare decât cel invocat de ipoteza lui Klein. Dacă Klein ar fi avut dreptate, atunci ar fi fost de aşteptat să existe
locuri în genom, în afara ADN-ului mitocondrial şi a cromozomului Y, în care aproape toţi indivizii să aibă un strămoş comun, în ultimii 100 000 de ani. Dar se pare că astfel de locuri nu există.

Rezultatele noastre nu infirmă pe de-a-ntregul ipoteza existenţei unei singure modificări genetice decisive. Există o mică porţiune din genom care conţine secvenţe complicate, dificil de analizat şi care nu a fost inclusă în studiul nostru. Dar schimbarea fundamentală, dacă a fost vreuna, nu prea are unde să se ascundă. Scala de timp a inovaţiilor genetice umane şi a diferenţierii populaţiei este, de asemenea, cu mult mai lungă decât au sugerat ADN-ul mitocondrial şi alte date genetice anterior revoluţiei genomului. Dacă este să încercăm să descoperim, în genom, repere legate de ceea ce i-a făcut pe oamenii moderni să fie diferiţi, este foarte probabil să fie explicaţii care să implice doar una sau câteva modificări.

Abordările întregului genom, care au devenit posibile după revoluţia tehnologică a anilor 2000, au evidenţiat curând că selecţia

naturală nu pare să se fi manifestat într-un mod simplu, prin modificări ale unui mic număr de gene, aşa cum şi-a imaginat Klein. Când au fost publicate datele primului genom întreg, mulţi geneticieni (între care mă număr şi eu) au dezvoltat metode prin care să răscolească genomul în căutarea de mutaţii care fuseseră influenţate de selecţia naturală.[30] Căutam calea cea mai simplă – situaţiile în care selecţia naturală a operat puternic asupra câtorva mutaţii. Exemple de astfel de tinte, cel mai uşor accesibile, includ mutaţiile ce permit oamenilor să digere laptele de vacă la maturitate sau care determină deschiderea sau închiderea culorii pielii ca o adaptare la climatul local sau mutaţiile care oferă rezistentă la malarie.

Noi, geneticienii, am avut succes în identificarea selecţiei pe mutaţii ca acestea, deoarece ele au crescut rapid de la o frecvenţă scăzută la una ridicată, rezultând într-un număr mare de oamenii din prezent care împărtăşesc un strămoş comun, sau diferente şocante în privinţa frecventei mutaţiei între două populaţii care, din alte puncte de vedere, sunt asemănătoare. Evenimente ca acestea lasă cicatrici (mărci) mari pe tiparele de variaţie a genomului, care pot fi detectate fără prea mult efort.

Entuziasmul legat de acest noroc neaşteptat a fost potolit de studiile lui Molly Przeworski, care a analizat tipurile de tipare pe care selecţia naturală ar putea să le lase asupra genomului în ansamblu. Un studiu realizat în 2006, de Przeworski şi colegii săi, a arătat că

scanările genomice ale variaţiei genetice umane actuale vor omite cele mai multe exemple ale selecţiei naturale, deoarece, pur şi simplu, acestea nu vor avea puterea statistică necesară pentru a fi detectate şi că scanările de acest gen vor avea, de asemenea, o capacitate mai mare de a detecta unele tipuri de selecţie decât altele.[31] Un studiu pe care l-a condus în 2011 a demonstrat că numai o mică parte din evoluţia oamenilor a implicat o selecţie naturală intensă a unor mutaţii avantajoase, care să nu fi fost prezente anterior în cadrul populaţiei.[32] Prin urmare, episoade intense şi uşor de depistat ale selecţiei naturale, precum cel care a permis digerarea laptelui de vacă de către adulţi, sunt nişte excepţii.[33]

Şi atunci care a fost modul dominant prin care a acţionat selecţia naturală asupra oamenilor, dacă nu acela de a selecta o mutaţie nou apărută, care apoi să ajungă la o frecvenţă înaltă? Un indiciu important provine din studiul înălţimii. în 2010, medicii geneticieni au analizat genomurile a aproximativ 180 000 de persoane cu înălţimea cunoscută şi au găsit 180 de modificări genetice independente, care sunt mai comune în cazul oamenilor de statură mai mică. Asta înseamnă că aceste modificări sau unele apropiate de pe genom au contribuit în mod direct la reducerea înălţimii. în 2012, un al doilea studiu a arătat că dintre cele 180 de modificări, persoanele din sudul Europei au tendinţa de a deţine acele versiuni care reduc înălţimea şi că acest tipar este atât de pronunţat, încât singura explicaţie posibilă

este selecţia naturală – predispoziţie spre o înălţime crescută la europenii nordici sau una redusă la europenii sudici, de când s-au separat cele două descendenţe.[34] în 2015, un studiu asupra ADN-ului ancestral, condus de fain Mathieson, în laboratorul meu, a relevat mai multe lucruri despre acest proces. Am adunat informaţii ADN provenite din oasele şi dinţii a 230 de europeni străvechi şi le-am analizat pentru a sugera că aceste tipare reflectă selecţia naturală a mutaţiilor care duc la o înălţime redusă a agricultorilor din sudul Europei, de acum mai puţin de 8 000 de ani, sau a unei înălţimi crescute a strămoşilor nord-europenilor, care au trăit în stepele din estul Europei, înainte de acum 5 000 de ani.[35] Avantajele care au sporit la persoanele mai scunde, din sudul Europei, sau la cele mai înalte, din estul îndepărtat al Europei, trebuie că fi crescut numărul copiilor lor care au supravieţuit, fapt care a avut efectul unei modificări sistematice a frecventelor acestor mutaţii până când s-a atins o nouă înălţime medie.

De la descoperirile legate de înălţime, alţi oameni de ştiinţă au documentat exemple suplimentare de selecţie naturală pe alte trăsături umane complexe. Un studiu din 2016 a analizat genomurile câtorva mii de britanici din ziua de astăzi şi a descoperit selecţia naturală ca fiind răspunzătoare pentru înălţimea crescută, părul mai blond, ochii mai albaştri, dimensiunea crescută a capului nou-născutului, lăţimea crescută a şoldurilor la femei, puseul de creştere mai întârziat la bărbaţi si vârsta mai crescută de

atingere a pubertăţii de către femei.[36] Aceste exemple demonstrează că, prin valorificarea puterii întregului genom pentru examinarea de mii de poziţii independente din genom, în mod simultan, este posibil să depăşim bariera pe care a identificat-o Molly Przeworski – „limita lui Przeworski” –, profitând de informaţiile pe care le deţinem acum despre un număr mare de variaţii genetice, din multe locaţii ale genomului, care au efecte biologice asemănătoare. Avem astfel de informaţii din „studii de asocieri la nivel de genom”, care, începând din 2005, au adunat date de la peste 1 000 000 de persoane, cu o varietate de trăsături măsurate, identificându-se astfel peste 10 000 de mutaţii individuale care apar cu o frecvenţă semnificativ crescută la persoanele cu trăsături particulare, inclusiv înălţimea.[37] Valoarea studiilor de asociere la nivel de genom pentru înţelegerea sănătăţii şi bolilor umane a fost controversată, deoarece modificările mutaţiilor specifice, pe care aceste studii le-au identificat, de obicei, au efecte atât de mici, încât rezultatele lor cu greu sunt folositoare pentru a prezice cine anume va moşteni boala respectivă şi cine nu.[38] Dar ceea ce este deseori neglijat este faptul că aceste studii de asociere la nivel de genom au reprezentat o resursă puternică pentru investigarea modificărilor evolutive care apar la om, în decursul timpurilor. Testând dacă mutaţiile identificate de studiile de asociere la nivel de genom ca afectând anumite trăsături biologice au avut toate tendinţa de a-şi modifica frecvenţa în aceeaşi direcţie, putem obţine dovezi ale selecţiei naturale în cazul unor trăsături biologice

specifice.

Pe măsură ce se desfăşoară astfel de studii de asociere la nivel de genom, ele încep să investigheze variaţia umană în trăsăturile cognitive şi comportamentale[39], iar astfel de studii – precum cele legate de înălţime – vor face posibil de stabilit dacă trecerea la modernitatea comportamentală a Strămoşilor noştri a fost determinată de selecţia naturală. Asta înseamnă că există o nouă speranţă de a oferi perspective genetice misterului care l-a frământat pe Klein – marea schimbare a comportamentului uman, sugerată de dovezile arheologice din Paleoliticul Superior şi Epoca Veche a Pietrei.

Dar chiar dacă schimbările genetice – prin selecţie naturală coordonată pe combinaţii de mai multe mutaţii simultan – au facilitat noi abilităţi cognitive, acesta este un scenariu foarte diferit fată de ideea lui Klein cu privire la comutatorul genetic. în acest scenariu modificările genetice nu reprezintă o forţă creatoare care să fi indus, în mod brusc, comportamentul uman modern, ci sunt răspunzătoare de presiunile non-genetice impuse din afară. în acest scenariu nu este vorba despre faptul că populaţia umană nu ar fi fost capabilă să se adapteze, pentru că nimeni nu purta o mutaţie care să permită abilităţi biologice inexistente anterior. în schimb, formula genetică potenţial necesară pentru a determina progresele uimitoare în comportamentul uman şi abilităţile care au apărut în Paleoliticul Superior şi în Epoca Veche a Pietrei nu este foarte misterioasă. Mutaţiile necesare apariţiei

comportamentului omului modern existau deja, şi combinaţiile posibile ale acestor mutaţii e posibil să fi crescut în frecvenţă, împreună, ca urmare a selecţiei naturale ca răspuns la nevoile modificate, impuse de dezvoltarea limbajului conceptual sau a noilor condiţii de mediu. La rândul lor, aceste lucruri ar fi putut să faciliteze schimbări ulterioare în stilul de viată si inovaţii, într-un ciclu auto-întretinut. Astfel, chiar dacă este adevărat că sporirea frecvenţei mutaţiilor a fost importantă, permiţându-le oamenilor moderni să-şi potrivească biologia la noile condiţii din Paleoliticul Superior şi Epoca Veche a Pietrei, ceea ce cunoaştem astăzi despre natura selecţiei naturale la oameni şi despre codificarea genetică a multor trăsături biologice sugerează că este puţin probabil ca prima apariţie a acestor mutatii să fi declanşat marile modificări care au urmat. Dacă umblăm după răspunsuri într-un mic număr de mutaţii, care au apărut cu puţin timp înainte de tranziţiile la Paleoliticul Superior şi Epoca Veche a Pietrei, este puţin probabil că vom găsi explicaţii satisfăcătoare despre cine suntem.

## CUM POATE EXPLICA GENOMUL CINE SUNTEM

Biologii molecularişti au fost primii care au focalizat puterea genomului asupra studiului evoluţiei umane. Probabil din cauza pregătirii lor – şi a experienţei lor anterioare de folosire a unor abordări reducţioniste pentru explicarea marilor mistele ale vieţii, precum

codul genetic –, biologii molecularişti erau motivaţi de speranţa că genetica le va oferi dovezi cu privire la natura biologică a felului în care oamenii diferă de celelalte animale. Entuziasmul legat de o asemenea perspectivă a fost împărtăşit, de asemenea, de arheologi şi de publicul larg. Dar acest program de cercetare, oricât de important este, se află totuşi la început, căci răspunsul nu va fi deloc unul simplu.

Revoluţia genomului a înregistrat un succes fulminant mai degrabă prin faptul că a făcut lumină în privinţa migraţiilor umane – decât prin explicarea biologiei umane. în ultimii câţiva ani, revoluţia genomului – accelerată de ADN-ul ancestral – a arătat că populaţiile umane sunt legate unele de altele în moduri la care nu se aşteptase nimeni. Istoria care rezultă diferă de cea pe care am învăţat-o pe când eram copii sau de cea care este cuprinsă în cultura populară. Este plină de surprize: amestecuri masive de populaţii diferenţiate; înlocuiri ale populaţiei şi expansiuni năvalnice; şi diviziuni ale populaţiei în timpurile preistorice, care nu se potrivesc cu diferenţele dintre populaţiile de astăzi. Este povestea modului în care s-a format familia umană, interconectată în infinit de multe feluri, niciodată, înainte, imaginate.

# Epoca Neanderthalienilor

770 000-550 020 da ani În urmâ
Estimare genetică a separăm intre Neanderthalieni şi oamenii moderni

-430 000 de ani În urmă
Scheletele şi ADN-ul din Sima de los Huesos arată că descendenţa Neanderthaliană evolua deja in Europa

300 000 – 250000 da ani în urmă
*Tranziţia spre Paleoliticul Mijlociu / Epoca Mijlocie a*

**PERIOADA DE**

800 000 de ani în

330000 – 300 OOO da ani în urmâ
Cele mai vechi fosile cu trăsături comune cu cele ale oamenilor moderni (Jebel Irhoud, Maroc)

70 020 – 50 030 de ani 1n urmâ
*Tranziţia spre Paleoliticul Superior/*

130002- – 100 030 de ani În urmâ
Oamenii moderni anatomic s-au răspândit in Orientul Apropiat. (Peşterile Skhul şi Qafzeh. Israel)

-70 002 de ani în
Neanderthalieni i s-au răspândit in sudul şi estul Europei.

-39 020da ani În urmâ
Dispar ultimii Neanderthalieni

100 000 de am în

II II

Prezent

-40 003 de ani în urmă

Hibrid de Neanderthalian cu omul modern (România)

<50 OCOde ani în urmă

Oamenii moderni se răspândesc in afara Afncn şi a Orientului Apropiat

-60 OOO de ani în urmă

Schelet de Neanderthalian (Pestera Kebara. Israel)

150 000 de ani în urmă – prezent

# CAPITOLUL 2

# ÎNTÂLNIRILE CU NEANDERTHALIENII

## ÎNTÂLNIREA DINTRE NEANDERTHALIENI SI OAMENII MODERNI

Astăzi, subgrupul particular de oameni căruia îi aparţinem – oamenii moderni – este singurul de pe planetă. I-am învins sau i-am exterminat pe ceilalţi oameni, mai ales în perioada de după acum aproximativ 50 000 de ani, când oamenii moderni sau răspândit prin Eurasia şi când mişcări majore ale oamenilor s-au petrecut probabil şi în interiorul Africii. Astăzi, cele mai apropiate rude pe care le mai avem sunt maimuţele antropoide africane: cimpanzeii, cimpanzeii bonobo (altfel cunoscuţi şi ca cimpanzei pitici – n. red.) şi gorilele, toate incapabile să confecţioneze unelte sofisticate sau să folosească un limbaj conceptual. Dar până acum aproximativ 40 000 de ani în urmă, lumea era locuită de numeroase grupuri de oameni arhaici, care erau diferiţi faţă de noi, din punct de vedere fizic, dar se deplasau biped şi împărtăşeau multe dintre abilităţile noastre, întrebarea la care informaţiile arheologice nu pot răspunde – dar la care ADN-ul poate – este în ce fel erau înrudiţi aceşti oameni arhaici cu noi.

Pentru niciun alt grup arhaic, răspunsul la această întrebare nu părea mai presant decât în cazul Neanderthalienilor. în Europa de acum 400 000 de ani, peisajul era dominat de aceşti oameni cu corpuri masive şi cu creiere puţin mai mari, în medie, decât ale noastre. Specimenul care le-a dat numele de Neanderthalieni a fost găsit de mineri, în 1856, într-o carieră de calcar de pe valea Neanderului (cuvântul german pentru vale este *Thal* sau *Tal).* Ani de zile, au existat dispute încinse dacă aceste rămăşiţe aparţineau unui om cu malformaţii, un strămoş uman, sau unei genealogii umane extrem de diferită de a noastră. Neanderthalienii au devenit primii oameni arhaici recunoscut! de stiintă. în



*Descendenţa omului şi selecţia sexuală,* publicată în 1871, Charles Darwin susţinea că oamenii sunt la fel ca şi celelalte animale, un produs al evoluţiei.[1] Deşi Darwin nu le-a apreciat el însuşi semnificaţia, Neanderthalienii au fost în cele din urmă recunoscuţi ca făcând parte dintr-o populaţie mult mai îndeaproape înrudită cu omul modern decât antropoidele care trăiesc şi astăzi, aducându-se dovezi în favoarea teoriei lui Darwin că astfel de populaţii trebuie să fi existat în trecut.

în următorul secol şi jumătate s-au descoperit multe alte schelete de Neanderthalieni. Aceste studii au evidenţiat faptul că Neanderthalienii au evoluat în Europa din oameni şi mai arhaici. în cultura populară, ei şi-au câştigat reputaţia de animalici – mult mai diferiţi de noi decât erau

în realitate. Reputaţia de primitivi a Neanderthalienilor a fost alimentată, în mare parte, de reconstrucţia, într-o postură cocoşată, a scheletului de Neanderthalian de la La Chapelle-aux-Saints, Franţa, realizată în 1911. Dar din toate dovezile pe care le avem, datând de acum peste 100 000 de ani, Neanderthalienii erau, din punct de vedere comportamental, la fel de sofisticaţi ca si strămoşii noştri – oamenii moderni anatomic.

Atât Neanderthalienii, cât şi oamenii moderni anatomic confecţionau unelte din piatră, folosind o tehnică numită Levallois, care necesită la fel de multă abilitate cognitivă şi dexteritate ca şi tehnicile de confecţionare a uneltelor care au apărut la oamenii moderni de acum aproximativ 50 000 de ani. Prin această tehnică, aşchiile de piatră se desprind cu grijă, pregătindu-se un miez care este foarte puţin asemănător cu unealta care va rezulta, astfel încât cei care confecţionează unealta trebuie să păstreze în minte o imagine a felului în care va trebui să arate produsul finalizat şi să execute paşi complecşi de prelucrare a pietrei iniţiale pentru a ajunge la produsul dorit.

Alte semne ale complexităţii cognitive a Neanderthalienilor includ dovezile că aveau grijă de cei bolnavi şi bătrâni. Săpăturile arheologice din peştera Shanidar, din Irak, au dus la descoperirea a nouă schelete, care se pare că au fost îngropate acolo în mod deliberat, unul dintre ele aparţinând unui individ bătrân, pe jumătate orb, cu un braţ atrofiat, fapt care sugerează că acest bătrân

nu ar fi putut supravieţui decât dacă prietenii şi familia sa i-ar fi purtat de grijă cu dragoste, multă vreme.[2] Neanderthalienii preţuiau, de asemenea, simbolismul, aşa după cum reiese din podoabele făcute din gheare de vulturi, găsite în peştera Krapina, din Croaţia, şi datând de acum aproximativ 130 000 de ani[3], precum şi cercurile de piatră construite în adâncul peşterii Bruniquel, din Franţa, care datează de acum aproximativ 180 000 de ani.[4]

Si totuşi, în ciuda asemănărilor dintre Neanderthalieni şi oamenii moderni, există şi diferenţe profunde. Un articol din anii 1950 susţinea că un Neanderthalian la metroul din New York nu ar atrage în niciun fel atenţia, „dacă ar fi spălat, ras şi îmbrăcat cu haine moderne”[5]. Dar, în realitate, fruntea sa, cu sprâncenele straniu ieşite în evidenţă şi corpul foarte musculos, l-ar da de gol. Neanderthalienii erau mult mai diferiţi de populaţia umană de astăzi decât sunt populaţiile de astăzi, unele fată de celelalte.

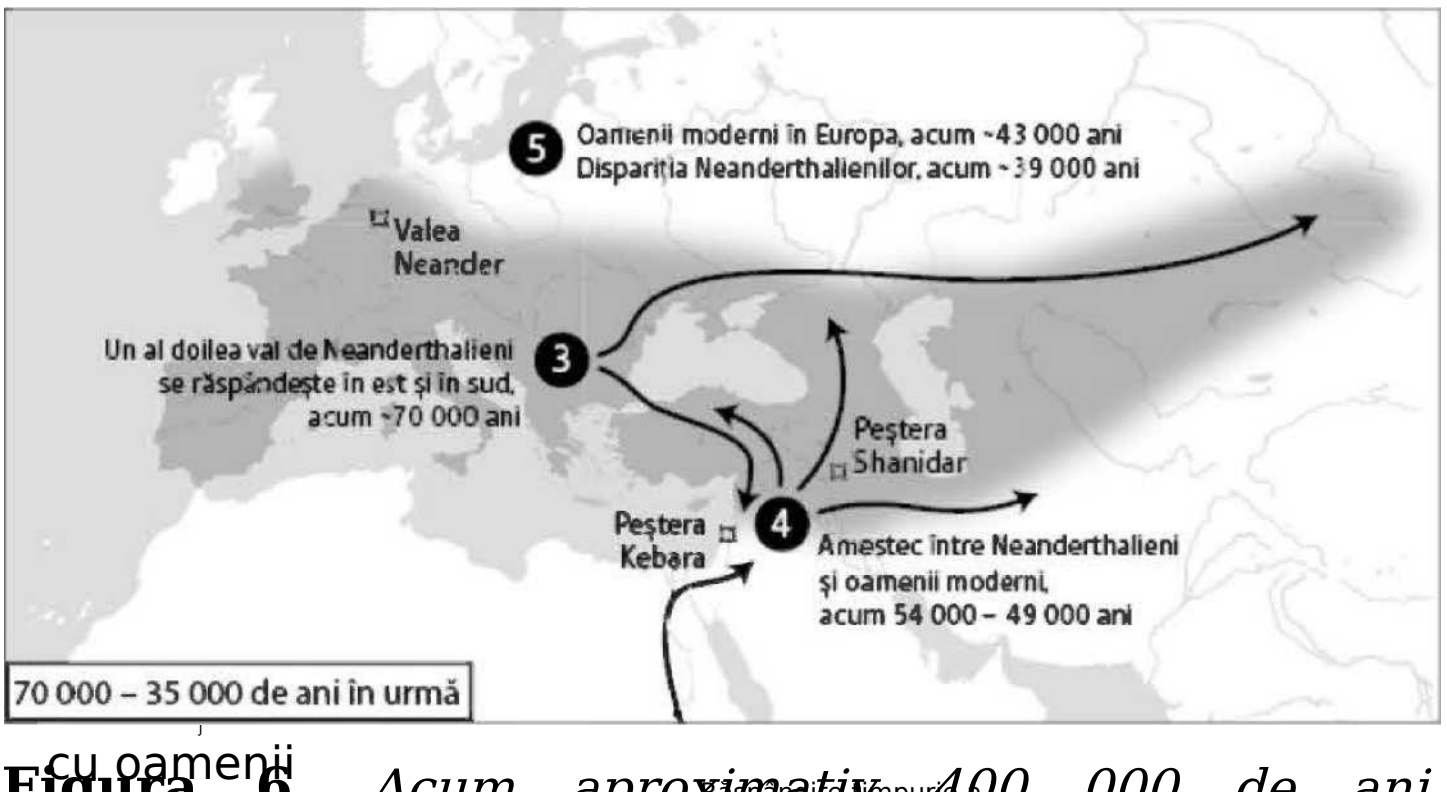
întâlnirea dintre Neanderthalieni si oamenii moderni a alimentat, de asemenea, imaginaţia scriitorilor. în cartea *Moştenitorii,* a lui William Golding, apărută în 1955, o ceată de Neanderthalieni este ucisă de oamenii moderni care adoptă, ulterior, un copil Neanderthalian care a supravieţuit.[6] în *The Clan of the Cave Bear,* a lui lean Auel, din 1980, o femeie de om modern este crescută de Neanderthalieni, iar ideea acestei cărţi este dramatizarea interacţiunii strânse dintre aceste două grupuri sofisticate de oameni, atât de străine unul faţă de celălalt şi în acelaşi timp atât de asemănătoare.[7]

Există dovezi ştiinţifice solide că oamenii moderni si Neanderthalienii s-au întâlnit. Cele mai directe provin din vestul Europei, de unde Neanderthalienii au dispărut acum aproximativ 39 000 de ani.[8] Sosirea oamenilor moderni în vestul Europei s-a petrecut cu cel puţin câteva mii de ani înainte, după cum s-a descoperit în peştera Fumane, din sudul Italiei, unde, acum aproximativ 44 000 de ani, uneltele de tip Neanderthalian au fost înlocuite cu unelte caracteristice oamenilor moderni. în sud-vestul Europei, au fost găsite unelte tipice oamenilor moderni, confecţionate în stilul numit Châtelperronian, printre rămăşiţe de Neanderthalieni, care datează de acum 40 000 – 39 000 de ani, ceea ce sugerează că este posibil ca Neanderthalienii să fi imitat uneltele oamenilor moderni sau că între cele două grupuri aveau loc schimburi de bunuri. Totuşi, nu toţi arheologii sunt de acord cu aceste interpretări, existând controverse dacă uneltele respective au fost realizate de Neanderthalieni sau de oamenii moderni.[9]

întâlniri între Neanderthalieni si oamenii moderni nu au avut loc doar în Europa, ci, aproape sigur, şi în Orientul Apropiat. începând de acum aproximativ 70 000 de ani, o populaţie de Neanderthalieni puternică şi de succes s-a răspândit din Europa în Asia Centrală, până la munţii Altai, şi în Orientul Apropiat. Orientul Apropiat era deja locuit de oamenii moderni, după cum este atestat de rămăşiţele găsite în peştera Skhul, din Carmel Ridge, Israel şi în peştera Qafzeh, din Galileea Inferioară, datând de acum 130 000 –

100 000 de ani.[10] Mai târziu, Neanderthalienii s-au deplasat în această zonă, unde s-a găsit un schelet în peştera Kebara, din Carmel Ridge, datând de acum 60 000 – 48 000 de ani.[11] Anulând ideea pe care am putea să o avem, aceea că oamenii moderni au înlocuit Neanderthalienii pretutindeni, Neanderthalienii avansau din patria lor (Europa), chiar în momentul în care oamenii moderni se retrăgeau. Cu toate acestea, cândva acum 60 000 de ani, oamenii moderni au început să predomine în Orientul Apropiat. Acum Neanderthalienii erau cei învinşi, în urma acestor întâlniri, şi au dispărut nu numai din Orientul Apropiat, ci şi din toate celelalte părţi ale Eurasiei. Astfel, în Orientul Apropiat au existat cel puţin două ocazii favorabile de întâlnire între Neanderthalieni şi oamenii moderni: prima, atunci când oamenii moderni timpurii au populat pentru prima oară regiunea, acum mai bine de 100 000 de ani, şi i-au întâlnit pe Neanderthalienii aflaţi în expansiune, şi a doua, atunci când oamenii moderni au revenit şi i-au înlocuit pe Neanderthalieni, acum 60 000 – 50 000 de ani.

Interacţiunea Neanderthalienilor


5
Oamenii moderni în Europa, acum ~43 000 ani
Dispariția Neanderthalienilor, acum ~39 000 ani
Valea Neander
Un al doilea val de Neanderthalieni se răspândește în est și în sud, acum ~70 000 ani
3
Peștera Shanidar
Peștera Kebara
4
Amestec între Neanderthalieni și oamenii moderni, acum 54 000 – 49 000 ani
70 000 – 35 000 de ani în urmă

cu oamenii

**Figura 6.** *Acum aproximativ 400 000 de ani, Neanderthalienii erau oamenii dominanţi în vestul Eurasiei, răspândindu-se în cele din urmă spre est până la înunţii Altai. Ei au supravieţuit valului iniţial de oameni moderni, cel puţin până acum 120 OOO de ani. Apoi, acum aproximativ 60 OOO de ani, oamenii moderni au pornit intr-un al doilea val dinspre Africa in*

*Eurasia, tn scurtă vreme, Neanderthalienii au dispărut.*

Oare s-au încrucişat între ele cele două populaţii? Se numără oare Neanderthalienii printre strămoşii direcţi ai vreunora dintre oamenii din prezent? Există unele dovezi scheletale ale hibridizării. Erik Trinkhaus a identificat rămăşiţe precum cele din Peştera cu Oase din România, pe care le consideră a fi intermediare între Neanderthalieni si oamenii moderni.[12] Totuşi, trăsături scheletice comune pot reflecta, uneori, adaptări la aceleaşi presiuni ale mediului ambiant, nu neapărat o origine comună. Acesta este motivul pentru care descoperirile arheologice şi scheletele nu pot stabili înrudirea noastră cu Neanderthalienii. Studiile asupra genomului pot.

## ADN-UL NEANDERTHALIAN

La început, oamenii de ştiinţă care studiau ADN-ul ancestral s-au concentrat aproape în exclusivitate pe ADN-ul mitocondrial din două

motive. în primul rând, există aproximativ 1 000 de copii ale ADN-ului mitocondrial în fiecare celulă, comparativ cu numai două copii ale celei mai mari părţi din restul genomului, din fiecare celulă, ceea ce creştea şansa unei extracţii reuşite. în al doilea rând, ADN-ul mitocondrial este dens în informaţie: pentru un număr dat de litere, există mult mai multe diferenţe în ADN-ul mitocondrial decât în cele mai multe alte locuri din genom, ceea ce permite obţinerea unei măsurători mai precise cu privire la timpul de separare genetică pentru fiecare literă ADN care este analizată. Analiza datelor mitocondriale a confirmat că Neanderthalienii împărtăşeau, pe linie maternă, strămoşi comuni cu oamenii moderni, de dată mai recentă decât se credea initial[13] – cea mai bună estimare actuală a vârstei strămoşului comun este de 470 000 – 360 OOO de ani.[14]

Analiza ADN-ului mitocondrial a confirmat, de asemenea, că Neanderthalienii erau foarte diferiţi. Tipul lor de ADN se găseşte în afara

paletei de variaţii ale oamenilor din prezent, împărtăşind un strămoş comun cu noi, la o dată de câteva ori mai îndepărtată decât cea la care „Eva mitocondrială”[15] a trăit.

ADN Neanderthalian mitocondrial nu a adus dovezi în sprijinul teoriei că Neanderthalienii şi oamenii moderni s-ar fi încrucişat între ei, atunci când s-au întâlnit, dar în acelaşi timp, dovezile provenite din ADN-ul mitocondrial nu au putut exclude contribuţia Neanderthalienilor, cu aproximativ 25%, la ADN-ul non-africanilor de astăzi.[16] Există o explicaţie pentru care afirmaţiile despre contribuţia Neanderthaliană la zestrea genetică a oamenilor moderni, contribuţie bazată numai pe ADN-ul mitocondrial, sunt atât de slabe. Chiar dacă oamenii moderni de astăzi, din afara Africii, au o moştenire Neanderthaliană substanţială, există doar una sau câteva femei care au trăit pe acea vreme şi care au fost suficient de norocoase, încât să transmită ADN lor mitocondrial oamenilor de astăzi, iar dacă cele mai multe dintre aceste

femei aparţineau liniei oamenilor moderni, tiparele pe care le găsim astăzi nu ar fi surprinzătoare. Aşadar, datele mitocondriale nu erau concludente, însă totuşi opinia conform căreia Neanderthalienii şi oamenii moderni nu s-au încrucişat a rămas literă de lege până când echipa lui Svante Pääbo a extras ADN-ul din întregul genom al unui Neanderthalian, făcând posibilă examinarea istoriei tuturor strămoşilor săi, nu numai a celor pe linie maternă.

Progresele în secvenţierea întregului genom Neanderthalian au fost posibile graţie saltului uriaş în eficienţa tehnologiei de studiere a ADN-ului ancestral, în deceniul ce a urmat secvenţierii ADN- ului mitocondrial Neanderthalian.

înainte de 2010, pilonul cercetării ADN-ului ancestral era o tehnică numită „reacţia de polimerizare în lanţ” (PCR). Tehnica implica selectarea unui fragment ţintă de ADN, urmată de sintetizarea de fragmente de ADN, lungi de aproximativ 20 de litere, care să se

potrivească genomului din fiecare capăt al segmentului ţintit. Aceste fragmente unice selectează partea ţintită a genomului, care este apoi duplicată de numeroase ori de către enzime. Rezultă că, dintr-un fragment minuscul de ADN din probă, se ajunge la alcătuirea unei secvenţe dominante. Această metodă elimină majoritatea restului de ADN (partea care nu este ţintită). Totuşi, poate extrage cel puţin acea parte de ADN care este de interes.

Noua metodă de extragere a ADN-ului ancestral era radical diferită. Se baza pe secvenţierea întregului ADN din probă, indiferent din ce parte a genomului provenea şi fără o preselectare a ADN-ului prin secvenţe ţintite. Această metodă a valorificat puterea noilor tehnologii, care din 2006 până în 2010 au redus costurile secvenţierii de cel puţin 10 000 de ori. Datele puteau fi analizate de computer pentru a pune laolaltă cea mai mare parte a genomului sau, dimpotrivă, pentru selectarea unei gene care prezenta

interes.

Pentru a face posibilă funcţionarea acestei noi metode, echipa lui Pääbo a trebuit să depăşească numeroase dificultăţi. în primul rând, a trebuit să găsească un os din care să poată extrage suficient ADN. Antropologii lucrează deseori cu fosile – oase complet mineralizate, transformate în piatră. Dar este imposibil să obţii vreun pic de ADN din fosile propriu-zise. Pääbo căuta deci oase care nu fuseseră complet mineralizate şi care mai conţineau material organic, inclusiv urme de ADN bine conservate. în al doilea rând, presupunând că echipa putea să găsească „o probă de aur” cu ADN bine conservat, trebuia să depăşească problema contaminării probei cu ADN microbian, provenit de la ciupercile şi bacteriile care s-au încorporat în os, după moartea individului. Acestea reprezintă majoritatea copleşitoare a ADN-ului provenit din probele cele mai vechi. în cele din urmă, echipa trebuia să ia în considerare şi posibila contaminare realizată de către cercetători –

arheologi sau biologi molecularişti –, care au manevrat probele şi chimicalele şi care este posibil să fi lăsat urme ale propriului lor ADN pe probe.

Contaminarea reprezintă un pericol uriaş pentru studierea ADN-ului uman ancestral. Secvenţele contaminate pot induce în eroare analiştii, deoarece oamenii moderni care manipulează probele sunt înrudiţi, chiar dacă foarte îndepărtat, cu individul de la care se execută extragerea şi secvenţierea. Un fragment de ADN ancestral tipic, de la o probă bine conservată de Neanderthalian, are o lungime de aproximativ 40 de litere, în timp ce raportul diferentelor dintre oamenii moderni si Neanderthalieni este de 1:600 de litere, astfel încât uneori este imposibil de precizat dacă un anumit fragment de ADN provine din os sau de la persoana care a manevrat osul. Contaminarea a dat nenumărate bătăi de cap cercetătorilor ADN-ului ancestral. De exemplu, în 2006, grupul lui Pääbo a secvenţiat aproximativ 1 000 000

de litere ADN de la Neanderthalieni, ca o probă-test înainte de secvenţierea întregului genom.[17] O mare parte dintre secvenţe erau contaminate de oamenii moderni, fapt care a compromis interpretarea datelor.[18]

Măsurile moderne de prevenire a contaminării ADN-ului ancestral, care începuseră deja să fie aplicate în studiul din 2006 şi care au devenit chiar şi mai elaborate după aceea, implică un set obsesiv de precauţii. Pentru studiul din 2010, în care Pääbo şi echipa lui au secvenţiat cu succes un genom Neanderthalian necontaminat, au luat fiecare dintre oasele pe care le-au analizat într-o „cameră sterilă”, pe care au adaptat-o după tiparul camerelor sterile utilizate în instalaţiile de producere a microcipurilor din industria computerelor. Exista o lampă suspendată cu ultraviolete precum cele folosite în sălile de operaţie, care era aprinsă de fiecare dată când cercetătorii nu erau prezenţi acolo, pentru a transforma ADN-ul contaminant într-o formă care nu poate fi

secvenţiată (lumina distruge şi ADN-ul ancestral de la suprafaţa probelor, dar cercetătorii găuresc piesa în profunzime, astfel putând accesa ADN-ul care nu a fost distrus). Aerul era ultra-filtrat pentru a îndepărta şi cele mai mici particule de praf – orice era mai mare de o miime din grosimea firului de păr uman – care ar fi putut conţine ADN. Laboratorul era presurizat astfel încât aerul circula dinspre interior spre exterior, pentru a proteja probele de orice ADN contaminant care ar fi putut pătrunde din afara laboratorului.

Existau trei camere separate în laborator. în prima, cercetătorii primeau costume întregi, curate, mănuşi şi măşti faciale. în a doua încăpere, plasau oasele alese pentru analiză într-o incintă unde erau expuse la radiaţii UV de înaltă energie, pentru a transforma ADN-ul contaminant, care s-ar fi putut găsi la suprafaţa probelor, într-o formă care nu poate fi secvenţiată. Apoi, cercetătorii perforau oasele cu ajutorul unei freze dentare

sterilizate, colectau zeci sau sute de miligrame de pudră într-o fo-lie de aluminiu iradiată UV şi depozitau această pudră într-un tub iradiat UV. în a treia cameră, scufundau pudra în soluţii chimice care îndepărtau mineralele şi proteinele din os şi treceau soluţia prin nisip pur (dioxid de siliciu), care, în condiţii adecvate, leagă ADN-ul, în acelaşi timp îndepărtând compuşii care afectează reacţiile chimice folosite pentru secventiere.

Apoi cercetătorii au dat fragmentelor de ADN o formă care putea fi secvenţiată. Mai întâi, au îndepărtat chimic capetele zdrenţuite ale fragmentelor de ADN care se degradaseră după zeci de mii de ani petrecuţi sub pământ. Ca o măsură suplimentară de îndepărtare a contaminărilor, faţă de ceea ce se făcuse în studiul din 2006, Pääbo şi echipa sa au ataşat o secvenţă artificială de litere, un „cod de bare” chimic la capetele fragmentelor de ADN. Orice secvenţe contaminate care au intrat în experiment după fixarea acestui cod

de bare puteau astfel să fie diferenţiate fată de ADN-ul ancestral din probă. Pasul final a fost acela de a ataşa adaptori moleculari la fiecare capăt, ceea ce permitea secvenţierea fragmentului de ADN în una dintre noile maşini care realiza secventieri de zeci de mii de ori
mai ieftin decât tehnologia precedentă.

Cele mai bine conservate probe de Neanderthalian au fost trei oase ale mâinii şi piciorului, cu o vechime de aproximativ 40 000 de ani, descoperite în peştera Vindija, din munţii Croaţiei. După secvenţierea ADN- ului din aceste oase, echipa lui Păăbo a descoperit că majoritatea fragmentelor de ADN obţinute aparţineau bacteriilor şi fungilor care colonizaseră oasele. Dar prin compararea a milioane de fragmente cu secvenţele de genom ale oamenilor moderni şi ale cimpanzeilor, au descoperit aur în mijlocul zgurii. Aceste genomuri de referinţă erau ca imaginea de pe o cutie de puzzle, oferind

cheia alinierii micilor fragmente de ADN pe care le secvenţiaseră. Oasele conţineau până la 4% ADN uman arhaic.

Odată ce Pääbo şi-a dat seama, în 2007, că va putea să secvenţieze aproape întregul genom Neanderthalian, a organizat o echipă internaţională de experţi cu scopul de a se asigura că analiza datelor va fi corectă. Astfel am ajuns să fiu implicat, împreună cu principalul meu partener ştiinţific, matematicianul Nick Patterson. Pääbo ne-a contactat, deoarece, în ultimii cinci ani, deveniserăm noi înşine inovatori în studiul amestecului populaţional. în cursul numeroaselor deplasări în Germania, am jucat un rol important în analizele care au dovedit încrucişările dintre Neanderthalieni si unii oameni moderni.

## AFINITĂŢILE DINTRE NEANDERTHALIENI SI NON AFRICANI

Secvenţele de genom Neanderthalian cu care am lucrat au fost, din păcate, pline de erori. Ne puteam da seama de acest lucru, deoarece datele sugerau că au apărut de câteva ori mai multe mutaţii în linia Neanderthalienilor decât în linia oamenilor moderni, după momentul separării celor două secvenţe de Strămoşii lor comuni. Cele mai multe dintre aceste mutaţii aparente nu pot fi reale, deoarece mutaţiile apar cu o rată relativ constantă, în timp, şi cum oasele Neanderthalienilor erau străvechi, ele erau mai apropiate în timp de strămoşul comun decât genomurile oamenilor moderni de astăzi, deci ar fi trebuit să acumuleze mai puţine mutaţii. Bazându-ne pe gradul de mutaţii în exces din genealogia Neanderthaliană, am estimat că secvenţele cu care lucram aveau, cu aproximaţie, câte o eroare la fiecare 200 de litere ADN. Deşi poate părea puţin, este în realitate cu mult mai mare decât adevăratul raport al

diferentelor dintre Neanderthalieni si oamenii moderni de astăzi, astfel încât majoritatea diferenţelor pe care le-am găsit erau erori create de procesul de măsurare, iar nu diferenţe reale între genomul Neanderthalian şi cel al oamenilor moderni actuali. Pentru a rezolva această problemă, ne-am restrâns studiul la poziţiile din genom despre care se cunoaşte că sunt variabile în rândul oamenilor de astăzi. în aceste poziţii, o rată a erorilor de aproximativ 0,5% era prea mică pentru a induce confuzii de interpretare. Bazându-ne pe aceste poziţii, am creat un test matematic pentru a măsura dacă Neanderthalienii erau mai strâns înrudiţi de unii oameni moderni de astăzi decât de alţii.

Testul pe care l-am dezvoltat se numeşte, astăzi, „testul celor patru populaţii” şi a devenit calul de bătaie în compararea populaţiilor. Testul ia drept informaţii de intrare literele ADN găsite în aceeaşi poziţie în patru genomuri: de exemplu, două

genomuri de oameni moderni, un genom de Neanderthalian şi unul de cimpanzeu. Testul examinează dacă, în poziţiile în care există o mutaţie care deosebeşte cele două genomuri de oameni moderni, această mutaţie este observabilă şi în genomul Neanderthalian – ceea ce trebuie să reflecte o mutaţie care a apărut înainte de separarea finală a Neanderthalienilor de oamenii moderni – si dacă se potriveşte cu al doilea genom uman modern, într-un mod diferit decât se potriveşte cu primul. Dacă cei doi oameni moderni descind dintr-o populaţie ancestrală comună, care s-a separat mai timpuriu de strămoşii Neanderthalienilor, nu există motive pentru care mutaţia respectivă să se fi transmis în mai mare măsură într-o linie de oameni moderni decât în cealaltă. în acest caz, rata de potrivire a fiecăruia dintre genomurile celor două linii umane moderne cu cel al Neanderthalienilor ar trebui să fie egală. Din contra, dacă Neanderthalienii s-au încrucişat cu unii oameni moderni, atunci

populaţia umană modernă descendentă din încrucişare va avea
în comun cu Neanderthalienii mai multe mutatii.

Când am testat diverse populaţii umane actuale, am descoperit că Neanderthalienii sunt aproape la fel de apropiaţi de europeni, est-asiatici şi papuaşi, dar mai aproape înrudiţi cu toate populaţiile non- africane decât cu toate populaţiile africane subsahariene, inclusiv populaţii atât de diferite precum vest-africanii şi populaţia san de vânător- culegători din sudul Africii. Diferenţa a fost mică, dar probabilitatea ca aceste descoperiri să fie întâmplătoare este mai mică de una la un cvadrilion. Am ajuns la aceeaşi concluzie indiferent de modul în care am analizat datele. Acesta a fost tiparul care era de aşteptat dacă Neanderthalienii s-ar fi încrucişat cu strămoşi ai non-africanilor, dar nu şi cu cei ai africanilor.

# Testul celor patru populaţii

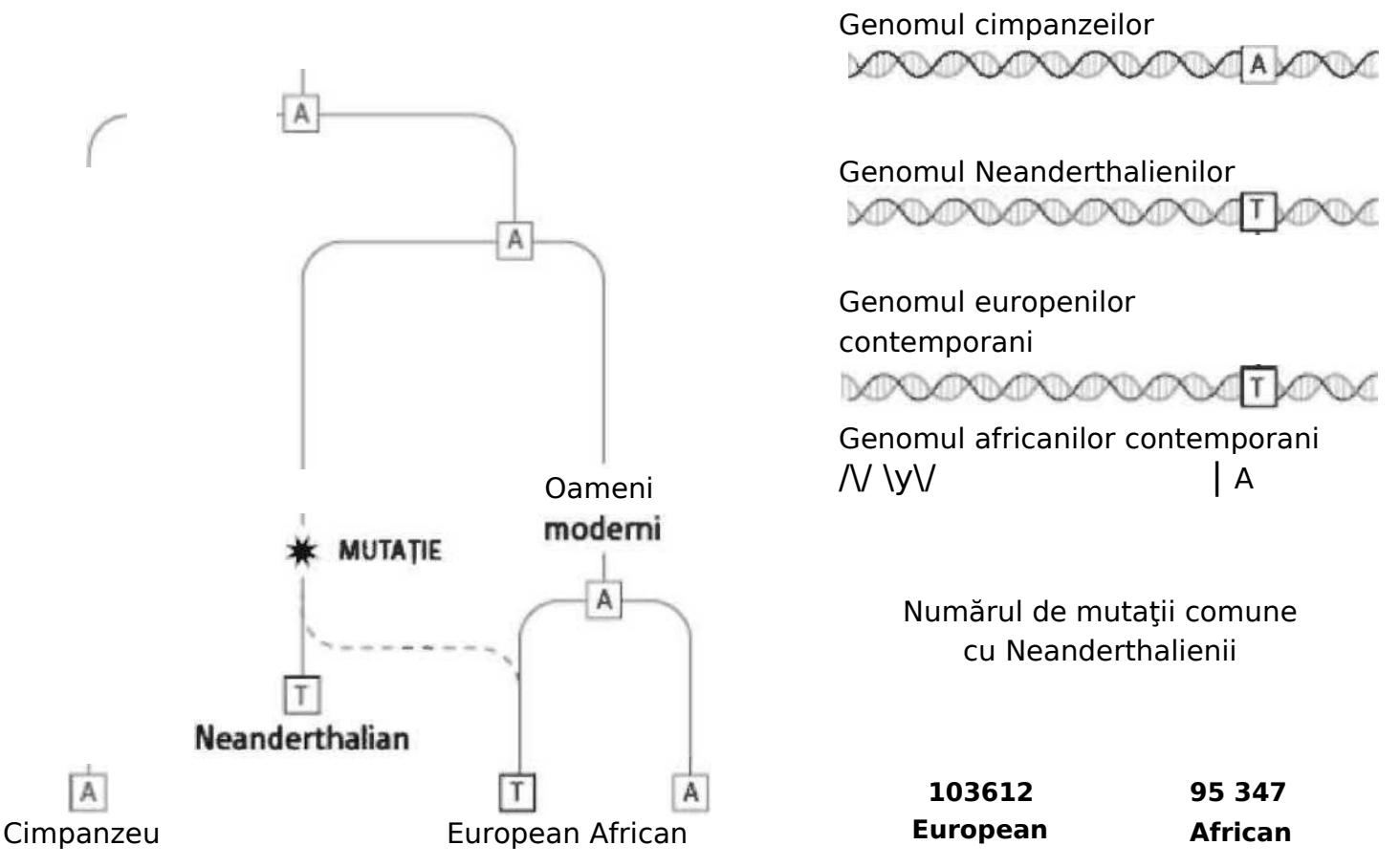



**Figura 7.** *Putem evalua dacă două populaţii se potrivesc descendenţei dintr-o populaţie ancestrală comună folosind „testul celor patru populaţii”. De exemplu, considerăm o mutaţie care a apărut la strămoşii Neanderthalienilor (litera T, de mai sus) şi care nu se găseşte în ADN-ul cimpanzeilor. Există cu 9% mai multe mutaţii de acest fel împărtăşite cu genomurile populaţiilor europene decât cu genomurile*

## ÎNCERCAREA DE A SCĂPA DE DOVEZI

Eram sceptici cu privire la această concluzie, deoarece era contrară consensului ştiinţific de la acea » J dată – un consens care era puternic fixat în mintea multora dintre membrii echipei noastre. Păăbo îşi făcuse pregătirea postdoctorală în laboratorul care a descoperit, în 1987, că ramificaţia cea mai profundă a descendentelor ADN-ului mitocondrial uman se găseşte astăzi în Africa, reprezentând o dovadă puternică în favoarea originii africane a tuturor oamenilor moderni. însăşi lucrarea lui Păăbo, din 1997, a întărit această dovadă, a originii pur africane, arătând că ADN-ul mitocondrial Neanderthalian se plasează mult în afara tuturor variaţiilor omului modern.[19] Şi eu m-am alăturat proiectului genomului Neanderthalian cu o puternică prejudecată împotriva posibilităţii încrucişării Neanderthalienilor cu oamenii moderni. îndrumătorul meu de doctorat, David Goldstein, fusese elev al lui Cavalli-Sforza, care transformase modelul originii africane a omului în piesa centrală a modelelor sale de evoluţie umană şi eram cufundat în această paradigmă. Datele genetice pe care le cunoşteam susţineau scenariul originii africane într-un mod atât de solid, încât, din punctul meu de vedere, versiunea cea mai strictă a ipotezei originii africane, cea în care nu existaseră încrucişări între Neanderthalieni si strămoşii oamenilor de astăzi, părea a fi un pariu sigur.

Din cauza convingerilor noastre anterioare eram foarte suspicioşi în legătură cu dovada referitoare la încrucişările cu Neanderthalienii, astfel încât am aplicat o serie de teste foarte severe pentru a-i găsi o hibă. Am testat dacă rezultatul era dependent de tehnologia de secvenţiere a genomului, pe care am folosit-o, dar am obţinut acelaşi rezultat folosind două tehnologii foarte diferite. Am considerat posibilitatea ca descoperirea noastră să fi fost un artefact dat de o rată crescută de erori din ADN-ul ancestral, care se cunoaşte că afectează anumite litere ADN mai mult decât pe altele. Totuşi, am obţinut acelaşi rezultat indiferent de tipul de mutaţie pe care l-am analizat. Ne-am pus întrebarea dacă datele noastre nu se datorau contaminării probei Neanderthaliene cu ADN uman contemporan. Poate că acest lucru ar fi alterat datele, în ciuda măsurilor pe care echipa lui Pääbo le luase pentru protejarea lor în laborator şi în ciuda testelor pe care le-am făcut pentru a măsura gradul de contaminare umană modernă, care a sugerat că orice contaminare care ar fi existat era prea mică pentru a produce tiparele observate. Totuşi, chiar dacă ar fi existat contaminări provenite de la oamenii din ziua de azi, tiparele pe care le-am observat nu arătau deloc precum cele la care ne-am fi aşteptat. Dacă ar fi existat contaminare, cel mai probabil aceasta ar fi provenit de la un european, de vreme ce majoritatea oaselor de Neanderthalieni pe care le-am analizat au fost dezgropate şi manevrate de europeni. Şi totuşi, secvenţa Neanderthaliană nu era mai

apropiată de europeni decât de est-asiatici sau de papuaşi – trei populaţii foarte diferite.

Am rămas sceptici, întrebându-ne dacă nu exista ceva la care nu ne-am gândit şi care ar putea explica aceste tipare. Apoi, în iunie 2009, am participat la o conferinţă la Universitatea din Michigan, unde l-am întâlnit pe Rasmus Nielsen, care cercetase genomurile diverselor persoane din întreaga lume. în cele mai multe părţi ale genomului, africanii sunt mai diverşi genetic decât non-africanii şi poartă genealogiile cele mai profund divergente, cum este cazul ADN-ului mitocondrial. Dar Nielsen identificase locuri rare din genom în care diversitatea genetică dintre non-africani era mai mare decât la africani, din cauza descendenţelor care au scindat, de timpuriu, arborele secvenţelor umane actuale şi care erau prezente numai la non-africani. Nielsen s-a alăturat grupului nostru şi a comparat regiunile pe care le identificaseră el şi colegii săi, cu datele noastre. Când a comparat 12 dintre regiunile sale speciale cu secvenţele de genom Neanderthalian, a găsit că în zece dintre ele exista o potrivire strânsă cu Neanderthalienii. Aceasta era o fracţiune mult prea mare pentru a fi apărut întâmplător. Majoritatea fragmentelor de ADN extrem de divergente ale lui Nielsen trebuiau să fi avut origine Neanderthaliană.

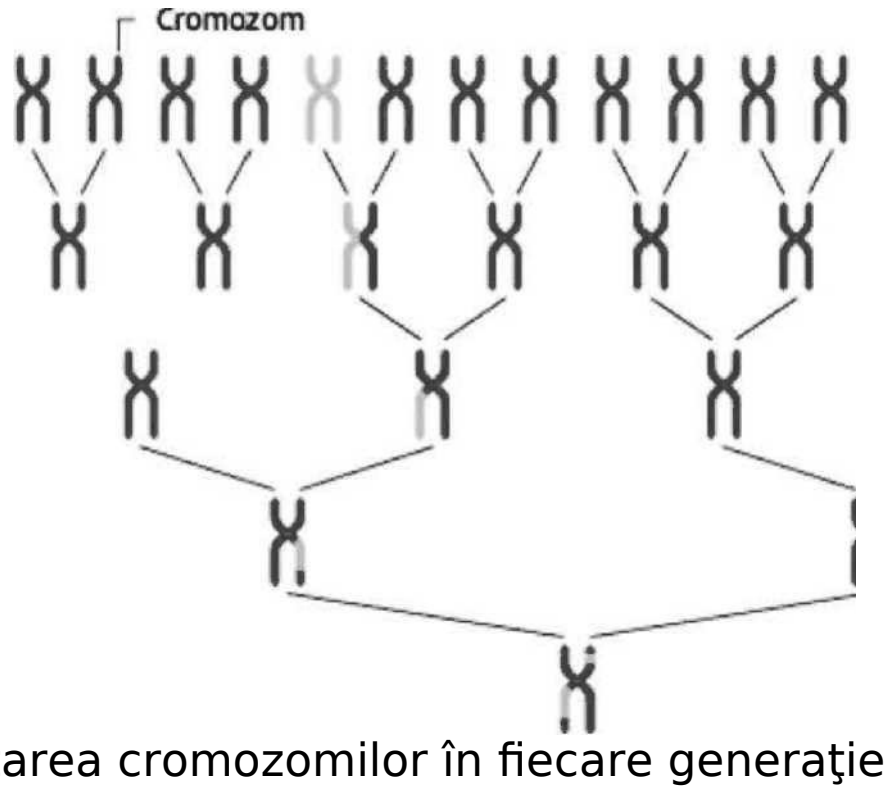
Apoi am obţinut o datare a momentului în care materialul genetic de provenienţă Neanderthaliană a pătruns în cel al strămoşilor non-africanilor. Pentru asta, am profitat de recombinări – procesul care apare

în cursul producerii spermatozoizilor sau a ovulelor unei persoane şi prin care porţiuni mari de ADN parental este schimbat pentru a produce noi cromozomi care sunt transmişi urmaşilor. Să considerăm, de exemplu, o femeie care reprezintă prima generaţie, în urma împerecherii dintre o mamă Neanderthaliană si un tată om modern. în celulele sale, fiecare pereche de cromozomi constă dintr-un cromozom nefragmentat de la mamă şi unul, de asemenea, nefragmentat, de la tată. în schimb, ovulele sale conţin 23 de cromozomi micsti. Unul
dintre cromozomii săi din ovul poate să fie alcătuit dintr-o jumătate de origine Neanderthaliană şi cealaltă jumătate, de origine umană modernă. Să presupunem că această femeie se împerechează cu un bărbat aparţinând oamenilor moderni, iar încrucişarea continuă, de-a lungul generaţiilor, cu mai mulţi oameni moderni. De la o generaţie la alta, segmentul de ADN Neanderthalian este fragmentat în bucăţele din ce în ce mai mici, recombinările operând ca lama unui procesor de alimente, care taie ADN-ul parental în diferite poziţii din lungul cromozomului, în fiecare generaţie. Măsurând dimensiunile tipice ale fragmentelor de ADN înrudit cu Neanderthalienii la oamenii din ziua de astăzi, evidente din dimensiunile secvenţelor care se potrivesc cu genomul Neanderthalian mai mult decât cu cele africane subsahariene, putem afla cât de multe generaţii au trecut de când ADN-ul Neanderthalian a pătruns în strămoşii unei persoane care trăieşte astăzi.

Adoptând această abordare, am constat că

cel puţin o parte din materialul genetic înrudit cu Neanderthalienii a pătruns în strămoşii non- africanilor de astăzi acum 86 000 – 37 000 de ani în urmă.[20] Am mai revizuit de atunci aceste date, prin analizarea ADN-ului ancestral provenit de la un om modern din Siberia, care, după cum au arătat studiile de datare cu $^{14}C$, a trăit acum aproximativ 45 000 de ani. Fragmentele de ADN provenite de la Neanderthalieni şi prezente la acest individ sunt, în medie, de şapte ori mai mari decât fragmentele cu aceeaşi provenienţă, întâlnite la oamenii moderni de astăzi, confirmând că acesta a trăit mult mai aproape de momentul în care s-a produs încrucişarea cu Neanderthalienii. Apropierea în timp de momentul încrucişării face posibilă datarea mai precisă a acestui eveniment la o perioadă cuprinsă între acum 54 000 si 49 000 de ani în urmă.[21]

Dar, în anul 2012, nu dovedisem încă faptul că încrucişarea pe care am detectat-o fusese cu Neanderthalieni propriu-zişi. Cea mai serioasă întrebare a venit de la Graham Coop, care era convins că am detectat încrucişări cu oameni arhaici, dar care sublinia că este posibil ca aceste încrucişări să nu fi fost, în realitate, cu Neanderthalienii.[22] în schimb, tiparele ar fi putut să fie rezultatul încrucişării cu un alt om arhaic, necunoscut încă, şi care ar fi fost, de departe, înrudit cu Neanderthalienii.




Fragmentarea cromozomilor în fiecare generaţie...

Stră-

Străbunic

Bunici

Părinţi

Copil

...ne furnizează un registru pentru datarea încrucişărilor.

ADN Neanderthalian din cromozomul 12

ADN de la un individ roman la 200 – 100 de ani *după încrucişare*

ADN de la un individ siberian la 8 000 – 5 000 de ani *dupd încrucişare*

Fragmente de ADN Neanderthalian —

ADN de la o persoană din China de astăzi la 54 000 – 49 000 de ani *dupdIncrudţare*

**Figura 8.** *Când o persoana produce un spermatozoid sau un ovul, el ori ea transmite noii generaţii numai câte un cromozom din fiecare dintre cele 23 de perechi pe care le deţine. Cromozomii transmişi sunt versiuni încrucişate ale celor moşteniţi de la mama şi de la tatăl persoanei respective (vezi schema de la pag. 84). Asta înseamnă că dimensiunile fragmentelor de ADN Neanderthalian din genomurile oamenilor moderni devin tot mai mici, pe măsură ce creşte timpul de la momentul încrucişării (alăturat, date reale de la cromozomul 12).*

Un an mai târziu, am fost capabili să eliminăm scenariul lui Coop, după ce laboratorul lui Pääbo a realizat o secvenţiere de înaltă calitate a genomului Neanderthalian dintr-o falangă a unui deget, găsită în sudul Siberiei, şi care data de acum cel puţin 50 000 de ani (dacă proba este mai veche de 50 000 de ani, datarea cu radiocarbon poate oferi doar data cea mai recentă, prin urmare proba ar putea fi semnificativ mai veche).[23] Din acest genom, am fost capabili să extragem cam de 40 de ori mai multe date decât din proba de Neanderthal din Croaţia. Cu atât de multe date la dispoziţie, am putut verifica încrucişat secvenţa si elimina erorile. Secvenţa rezultată era mai puţin încărcată de erori decât cele mai multe genomuri generate de la oamenii vii. Secvenţa de înaltă calitate ne-a permis să determinăm cât de îndeaproape sunt înrudiţi oamenii moderni cu Neanderthalienii, bazându-ne pe numărul de mutaţii care au apărut în diferitele filiaţii de când s-au separat. Nu am descoperit aproape niciun segment prin care Neanderthalianul siberian să fi împărtăşit vreun strămos comun cu africanii subsaharieni de astăzi, în ultima jumătate de milion de ani. Cu toate acestea, existau segmente comune cu non-africanii, în ultimii aproximativ 100 000 de ani. Aceste date se potrivesc cu intervalul de timp în care Neanderthalienii s-au stabilit pe deplin în vestul Eurasiei. Asta înseamnă că încrucişarea a avut loc cu Neanderthalieni adevăraţi, nu cu grupuri vag înrudite cu aceştia.

## ÎNCRUCIŞAREA ÎN ORIENTUL APROPIAT

Aşadar, cât de multă moştenire Neanderthaliană posedă non-africanii din ziua de astăzi? Am descoperit că genomurile non-africanilor de astăzi au

între 1,5 – 2,1% ADN de origine Neanderthaliană[24], cu valorile cele mai mari la est-asiatici si valorile cele mai scăzute la europeni, în ciuda faptului că Europa a fost leagănul Neanderthalienilor.[25] Ştim acum că parte a explicaţiei este diluţia. ADN-ul ancestral al europenilor, care au trăit cu mai bine de 9 000 de ani în urmă, arată că europenii pre-agricultori aveau la fel de multă origine Neanderthaliană ca şi est- asiaticii de astăzi.[26] Reducerea moştenirii Neanderthaliene la europenii de astăzi se datorează faptului că ei posedă parte din genealogie de la un grup de oameni care s-au separat de toţi ceilalţi non- africani înainte de amestecul cu Neanderthalienii (povestea acestui grup separat timpuriu, evidenţiată de studiul ADN-ului ancestral, este prezentată în partea a doua a acestei cărţi). Răspândirea agricultorilor cu această moştenire a diluat moştenirea Neanderthaliană în Europa, dar nu şi în estul Asiei.[27]

Bazându-ne numai pe datele arheologice, ar părea plauzibil că Neanderthalienii s-au încrucişat cu oamenii moderni în Europa, locul de origine a Neanderthalienilor. Dar oare acesta este locul unde sau petrecut cele mai multe încrucişări care şi-au lăsat amprenta asupra oamenilor de astăzi? Datele genetice nu ne pot spune acest lucru cu

certitudine. Ele pot arăta felul în care sunt înrudiţi oamenii, dar aceştia sunt capabili să migreze mii de kilometri în cursul vieţii, chiar pe jos, astfel încât tiparele genetice nu reflectă, în mod obligatoriu, evenimente care s-au petrecut în apropierea locurilor unde trăiesc oamenii care au acest ADN. Dacă studiile din ultimii câţiva ani, referitoare la ADN-ul ancestral, au arătat cu limpezime ceva, atunci acest lucru este faptul că distribuţia geografică a oamenilor care trăiesc astăzi este deseori înşelătoare în privinţa locurilor în care au locuit strămoşii lor.

Cu toate acestea, se pot face legături plauzibile cu privire la originea geografică.

Dovezi ale încrucişării sunt detectate astăzi nu numai la europeni, dar şi la est-asiatici şi la papuaşii din Noua Guinee. Europa reprezintă un fel de fundătură a circulaţiei din Eurasia, şi nu ar fi reprezentat un posibil punct de ocol pentru oamenii moderni care se extindeau către est. Şi atunci, unde s-ar fi putut întâlni şi încrucişa Neanderthalienii şi oamenii moderni, în asa fel încât să dea naştere unei populaţii care să se fi răspândit apoi atât în Europa, cât şi în estul Asiei şi în Noua Guinee? Arheologii au arătat modul în care, în Orientul Apropiat, Neanderthalienii si oamenii moderni au făcut schimb de locuri ca populaţie dominantă, cel puţin de două ori, în perioada cuprinsă între acum 130 000 şi 50 000 de ani şi este rezonabil să presupunem că ei s-ar fi putut întâlni în decursul acestei perioade. Astfel, încrucişarea în Orientul Apropiat oferă o explicaţie plauzibilă a moştenirii Neander-thaliene împărtăşită atât

de europeni, cât şi de est-asiatici.

A avut loc, oare, vreo încrucişare în Europa? în 2014, echipa lui Pääbo a secvenţiat ADN-ul dintr-un schelet din Peştera cu Oase, România, acelaşi schelet pe care Erik Trinkaus l-a interpretat ca fiind un hibrid de Neanderthalian cu oamenii moderni, bazându-se pe trăsăturile craniului, care erau asemănătoare cu ale ambilor.[28] Analiza noastră a arătat că individul din Peştera cu Oase, în cazul cărora studiile de datare cu radiocarbon au indicat că ar fi trăit cu aproximativ 40 000 de ani în urmă, avea în jur de 6 – 9% origine Neanderthaliană, cu mult mai mult decât cei aproximativ 2% pe care îi întâlnim la non-africanii din ziua de astăzi.[29] Unele fragmente de ADN Neanderthalian depăşeau o treime din lungimea cromozomilor săi – un lanţ atât de lung şi neîntrerupt de recombinaţi!, încât putem fi siguri că individul din Peştera cu Oase a avut un Neanderthalian adevărat, cu nu mai mult de şase generaţii în urmă, în arborele său genealogic. Contaminarea nu poate explica aceste descoperiri, căci ar fi trebuit să dilueze moştenirea

Neanderthaliană a individului din Peştera cu Oase, nu să o amplifice. Ar fi creat, de asemenea, potriviri la întâmplare cu Neanderthalienii în întregul genom, iar nu segmente lungi de ADN Neanderthalian care au putut fi rapid identificate cu ochiul liber, atunci când s-au plasat grafic, în lungul genomului, poziţiile mutaţiilor care se potrivesc cu secvenţa genomică Neanderthaliană, mai îndeaproape decât se

potrivesc cu cele umane moderne. Aceste dovezi ale încrucişării cu Neanderthalienii nu au avut nevoie de analiză statistică. Dovada era în imagine.

Descoperirile despre încrucişările din arborele genealogic recent al individului din Peştera cu Oase sugerează că oamenii moderni şi Neanderthalienii sau hibridizat şi în Europa, locul de baştină al Neanderthalienilor. Dar populaţia din care face parte individual din Peştera cu Oase – şi care a purtat această dovadă clară a hibridizării cu Neanderthalienii europeni – este posibil să nu fi lăsat niciun fel de urmaşi printre oamenii care trăiesc astăzi. Atunci când am analizat genomul de la Peştera cu Oase, nu am găsit dovezi că acest individ ar fi fost mai îndeaproape înrudit cu europenii decât cu est- asiaticii. Asta înseamnă că, probabil, a făcut parte dintr-o populaţie considerată o fundătură evolutivă – o populaţie de oameni moderni care au ajuns timpuriu în Europa, a înflorit acolo, pentru o scurtă perioadă, s-a încrucişat cu Neanderthalienii, iar apoi a dispărut. Astfel, în timp ce individul din Peştera cu Oase a oferit o dovadă puternică a faptului că au avut loc hibridizări între Neanderthalieni si oamenii moderni în Europa, nu oferă nicio dovadă că moştenirea Neanderthaliană a non-africanilor de astăzi ar fi provenit de la Neanderthalienii europeni. Rămâne ideea că cea mai probabilă sursă de moştenire Neanderthaliană prezentă la non-africani este reprezentată de Neanderthalienii din Orientul Apropiat.

Descoperirea că individul din Peştera cu

Oase era reprezentantul unei populaţii care a dispărut se potriveşte cu datele arheologice referitoare la primii oameni moderni din Europa. Uneltele de piatră pe care le confecţionau aceşti oameni aveau o varietate J J de stiluri, dar ca şi populaţia individului din Peştera cu Oase, multe dintre ele reprezentau o fundătură, în sensul că au dispărut din înregistrările arheologice după câteva mii de ani. Totuşi, stil numit proto- aurignacian – care se crede că a provenit din stilul mai timpuriu Ahmarian, din Orientul Apropiat – a persistat şi după perioada de acum 39 000 de ani şi se pare că s-a dezvoltat în stilul aurignacian, prima cultură larg răspândită din Europa.[30] Aceste tipare ar putea fi explicate dacă producătorii uneltelor aurignaciene ar fi provenit dintr-o migraţie diferită în Europa, comparativ cu alţi oameni moderni timpurii, precum cei din Peştera cu Oase. Scenariul ar putea explica modul în care populaţia din Peştera cu Oase s-a încrucişat într-o bună măsură cu Neanderthalienii europeni, şi totuşi moştenirea Neanderthaliană a europenilor de astăzi nu provine din Europa.

## DOUĂ GRUPURI LA LIMITA COMPATIBILITĂŢII

Fertilitatea scăzută a hibrizilor este posibil, de asemenea, să fi redus moştenirea Neanderthaliană din ADN-ul oamenilor care trăiesc astăzi. Această idee a fost lansată prima dată de Laurent Excoffier, care ştia din studii pe animale şi plante că, atunci când o

populaţie se mută într-o regiune ocupată de o altă populaţie, cu care se poate încrucişa, chiar şi o rată scăzută de încrucişare este suficientă pentru a produce proporţii mari de amestec la descendenţi – cu mult mai mult decât acel aproximativ 2% moştenire Neanderthaliană găsită la non-africanii de astăzi. Excoffier a susţinut că singurul mod în care genomul oamenilor moderni putea să reţină atât de puţin ADN Neanderthalian este dacă oamenii moderni, în expansiune, s-au încrucişat de cel puţin 50 de ori mai mult cu oamenii moderni decât cu Neanderthalienii care trăiau în preajma lor.[31] El a considerat că explicaţia cea mai plauzibilă pentru acest fapt era aceea că descendenţii Neanderthalienilor cu oamenii moderni erau mult mai puţin fertili decât cei produşi din împerecherea oamenilor moderni între ei.

Această explicaţie nu m-a convins. Mai degrabă decât o fertilitate redusă a hibrizilor, susţineam ideea conform căreia nu a existat prea multă hibridizare din motive sociale. Chiar şi astăzi, multe grupuri de oameni moderni se încrucişează, în mare parte, doar între ei, din cauza barierelor culturale, religioase sau de castă. De ce ar fi fost diferite lucrurile pentru oamenii moderni si Neanderthalieni atunci când s-au întâlnit?

Dar Excoffier a avut dreptate într-o anumită privinţă. Acest lucru a devenit evident atunci când noi şi alţi cercetători am analizat fragmentele de ADN Neanderthalian care a pătruns în populaţia umană modernă şi le-am cartografiat în genom. Pentru asta, Sriram Sankararaman, din cadrul laboratorului meu,

a căutat mutaţiile care erau prezente în ADN-ul Neanderthalian secvenţiat, dar care erau rare sau absente la africanii subsaharieni. Studiind fragmentele cu astfel de mutaţii, am putut să găsim o fracţiune substanţială a tuturor acestor fragmente de origine Neanderthaliană în fiecare genom nonafrican. Uitându-ne unde anume apar aceste fragmente de origine Neanderthaliană, a devenit limpede că impactul amestecului cu Neanderthalienii a variat dramatic în cadrul genomului non-africanilor de astăzi. Proporţia medie de moştenire Neanderthaliană la populaţia non- africană este de aproximativ 2%, dar nu este răspândită uniform. în mai mult de jumătate din genom, nu s-a putut detecta nicio urmă de fragment ADN Neanderthalian. Dar în unele locuri neobişnuite din genom, mai mult de 50% din secvenţele ADN aparţin Neanderthalienilor.[32]

Un indiciu important, care ne-a ajutat să înţelegem cum s-a croit acest tipar, a provenit din studierea locurilor din genomul non-africanilor în care urmele Neanderthaliene sunt rare. în oricare fragment de ADN, o absenţă a urmelor de ADN Neanderthalian, în cadrul unei populaţii, poate să se datoreze întâmplării, aşa cum credem că se întâmplă în cazul ADN-ului mitocondrial. Totuşi, este puţin probabil ca un subset substanţial al genomului, cu funcţii biologice particulare, să fi lipsit sistematic din ascendenţa Neanderthaliană, cu excepţia cazului în care selecţia naturală a intervenit în mod sistematic pentru a-l înlătura.

Dar dovada unei înlăturări sistematice a

moştenirii Neanderthaliene este exact ceea ce am găsit – şi, în mod remarcabil, am observat o eliminare intensă a moştenirii Neanderthaliene, prin selecţie naturală, în două părţi ale genomului cunoscute a fi importante pentru fertilitatea hibrizilor.

Primul loc cu o moştenire Neanderthaliană redusă a fost pe cromozomul X, unul din cei doi cromozomi ai sexului. Acest lucru mi-a amintit de un tipar peste care eu si Nick Patterson am dat în munca noastră de separare a strămoşilor omului şi ai cimpanzeilor, într-un studiu pe care l-am realizat împreună şi l-am publicat cu mulţi ani înainte.[33] Există doar trei copii ale cromozomului X în oricare populaţie pentru fiecare alţi patru cromozomi (deoarece femelele au doi cromozomi X, iar masculii, numai unul, comparativ cu câte două copii, pentru fiecare dintre ceilalţi cromozomi, la fiecare dintre cele două sexe). Asta înseamnă că, în fiecare generaţie, probabilitatea ca oricare doi cromozomi X să împărtăşească un părinte comun este de patru treimi din probabilitatea ca oricare alti doi cromozomi de acelaşi fel să aibă un părinte comun. Rezultă că timpul de când oricare pereche de secvenţe ale cromozomului X a descins dintr-o secvenţă ancestrală comună este de aproximativ patru treimi din cel pentru restul genomului. De fapt însă, datele reale sugerează o valoare care este de aproximativ jumătate, dacă nu chiar mai mică.[34] în studiul nostru privind populaţia ancestrală comună oamenilor şi cimpanzeilor, nu am putut să identificăm nicio modalitate prin care să

explicăm acest tipar, cum ar fi fost un număr mai scăzut de femele care să se mişte între grupuri, comparativ cu masculii, sau o mai mare variabilitate a descendenţilor femele în comparaţie cu descendenţii masculi, sau expansiunea or reducerea populaţiei. Totuşi, aceste tipare puteau fi explicate de un scenariu în care strămoşii oamenilor si ai cimpanzeilor, iniţial separaţi, s-au reunit pentru a forma fie strămoşii cimpanzeilor, fie pe cei ai oamenilor, înainte de separarea finală a celor două genealogii.

Cum este posibil ca hibridizarea să conducă la o variaţie mult mai mică a cromozomului X decât a restului genomului? Din studiile întreprinse pe numeroase specii animale, se cunoaşte faptul că, atunci când două populaţii sunt separate suficient de mult timp, descendenţii hibrizi au o fertilitate redusă. La mamifere cum suntem noi, reducerea fertilităţii este mult mai răspândită la masculi decât la femele, iar factorii genetici care contribuie la această reducere sunt concentraţi pe cromozomul X.[35] Astfel, atunci când două populaţii sunt într-atât de separate, încât descendenţii lor prezintă o fertilitate redusă, dar totuşi se încrucişează şi produc hibrizi, este de aşteptat să existe o intensă selecţie naturală de îndepărtare a factorilor care contribuie la reducerea fertilităţii. Acest proces se va manifesta mai ales la nivelul cromozomului X, din cauza concentraţiei sale în gene care contribuie la infertilitate. Prin urmare, selecţia naturală asupra cromozomului X se va exercita mai ales asupra acelor fragmente de ADN care

provin de la populaţia care a contribuit cel mai mult la moştenirea populaţiei hibride. Această selecţie va determina ca populaţia hibridă să aibă cromozomul X provenit, aproape în întregime, din populaţia majoritară, ceea ce conduce la o divergenţă genetică anormal de scăzută a cromozomului X între populaţia hibridă şi una dintre populaţiile care au participat la hibridizare, tipar confirmat în studiile efectuate pe oameni şi cimpanzei.

Această predicţie teoretică poate părea fantezistă, dar apare, în realitate, în cazul hibridărilor dintre şoarecii de casă vest-europeni şi cei est-europeni. Hibrizii rezultaţi sunt dispuşi într-o fâşie teritorială cu direcţia de la nord spre sud, care trece prin Europa Centrală şi care se suprapune, în mare parte, peste linia Cortinei de Fier a Războiului Rece. în timp ce densitatea mutaţiilor care deosebesc şoarecii hibrizi de şoarecii din vestul Europei este crescută în cea mai mare parte a genomului, deoarece şoarecii hibrizi nu poartă numai ADN provenit de la şoarecii vest-europeni, ci şi de la şoarecii est-europeni, foarte diferiţi genetic, densitatea cromozomului X este mult mai mică, pentru că şoarecii hibrizi deţin foarte puţin ADN provenit de la populaţia est-europeană, despre ai cărei cromozomi X se ştie că produc infertilitatea hibrizilor masculi.[36]

De la momentul publicării lucrării noastre, în 2006, care sugera că fie oamenii, fie cimpanzeii pot să provină dintr-o hibridizare străveche majoră, dovezile în favoarea existentei unei hibridizări majore în

descendenţa oamenilor şi a cimpanzeilor au devenit şi mai puternice. în 2012, Mikkel Schierup, Thomas Mailund şi colegii lor au dezvoltat o nouă metodă pentru a estima, din informaţiile genetice, durata redusă de timp în care s-a produs separarea strămoşilor acestor două specii de astăzi, bazându-se pe principii asemănătoare abordării lui Li şi Durbin, descrise în capitolul unu.[37] Când au aplicat metoda pentru a determina data separării cimpanzeilor comuni de verii lor îndepărtaţi, cimpanzeii bonobo, ei au găsit dovezi că separarea a fost foarte bruscă, fapt care se potriveşte cu ipoteza că cele două specii au fost separate de un fluviu imens (Congo), care a apărut destul de brusc, acum 1 000 000 sau 2 000 000 de ani. Din contră, atunci când au aplicat metoda pentru a studia oamenii şi cimpanzeii, ei au găsit dovezi ale unei perioade îndelungate de schimburi genetice după momentul începerii diferenţierii populaţiilor, lucru de aşteptat în cazul hibridizării.[38]

O dovadă chiar şi mai importantă a provenit dintr-o lucrare pe care au publicat-o Schierup şi Mailund, în 2015, şi în care au arătat, împreună cu colegii lor, că regiunile de pe cromozomul X care sunt golite de amestecul cu ADN Neanderthalian, la indivizii non-africani, sunt în mare măsură aceleaşi regiuni la care este prezentă o divergenţă genetică scăzută între oameni şi cimpanzei.[39] Acest lucru ar fi de aşteptat dacă mutaţiile care contribuie la reducerea fertilităţii, atunci când apar la indivizii hibrizi, nu numai că tind să se concentreze pe cromozomul X, ci chiar

în anumite regiuni specifice ale cromozomului X, ducând la eliminarea moştenirii minoritare din

populaţie[5], prin selecţia naturală exercitată împotriva hibrizilor masculi care o poartă. Dovada că selecţia naturală a favorizat eliminarea ADN-ului de Neanderthalian din cromozomul X a fost un semn clar al faptului că masculii hibrizi aveau o fertilitate redusă.

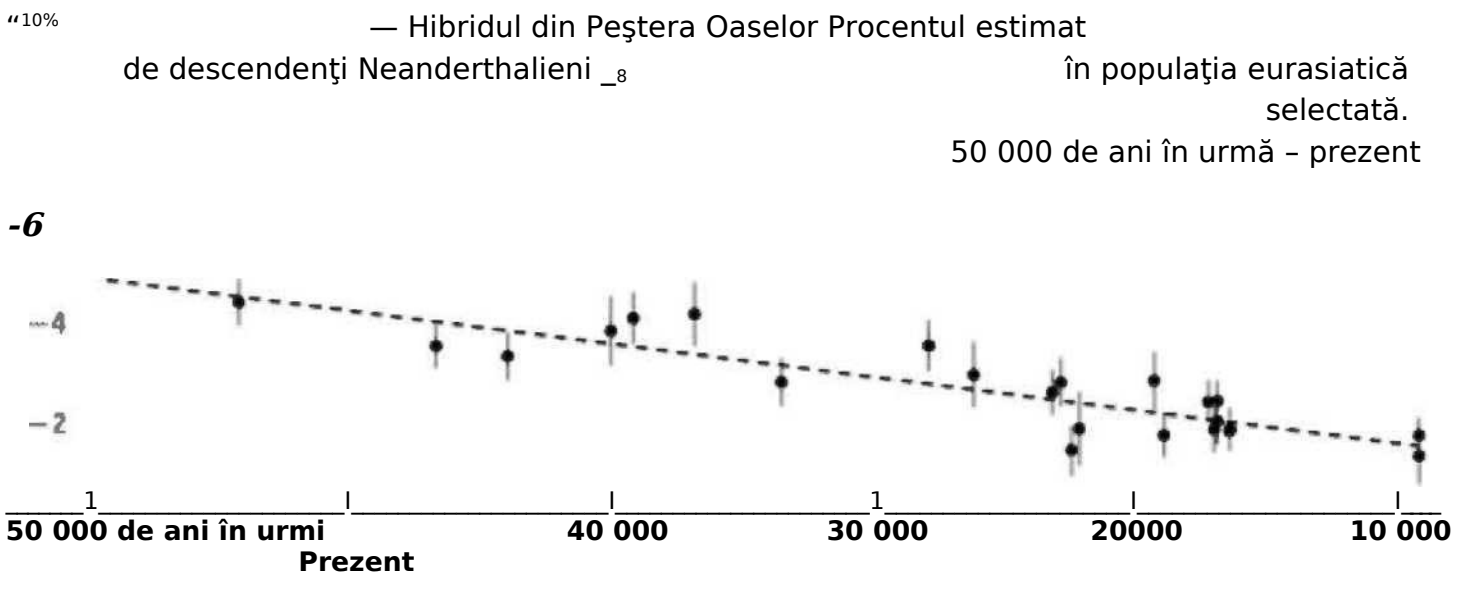



**Figura 9.** *Moştenirea Neanderthaliană a fost înlăturată de-a lungul timpului prin selecţie naturală.*

Am mai găsit o a doua categorie de dovezi legate de infertilitatea hibrizilor de Neanderthalieni cu oamenii moderni – o categorie care nu are nimic de a face cu cromozomul X. Atunci când se observă reducerea fertilităţii la hibrizii masculi, genele răspunzătoare au tendinţa de a fi foarte active în ţesutul reproducător al acestor masculi, producând disfuncţionalităţi ale spermei. Astfel, o predicţie a ipotezei infertilităţii hibrizilor masculi, care mi-a fost sugerată de biologul evoluţionist Daven Presgraves, după ce i-am arătat dovezile de la nivelul cromozomului X, este că genele care sunt deosebit de active la nivelul spermatozoizilor din testiculele unui bărbat vor avea, în medie, mai puţină moştenire Neanderthaliană, decât genele deosebit de active în alte ţesuturi ale corpului. Când am studiat datele reale, predicţia lui Presgraves a fost precis confirmată.[40]

Problemele cu care s-au confruntat oamenii moderni cu descendenţă Neanderthaliană au depăşit fertilitatea redusă, dovedindu-se că moştenirea Neanderthaliană nu este redusă numai la nivelul cromozomului X şi al genelor importante pentru reproducerea masculină, dar este redusă şi la nivelul majorităţii genelor (există mult mai mult ADN Neanderthalian în porţiunile „deşeu”, noncodificatoare, ale genomului, care au puţine funcţii biologice). Cea mai evidentă dovadă a venit de la un studiu din 2016, în care am publicat un set de date despre ADN-ul ancestral la nivel de genom, provenite de la peste 50 de eurasiatici răspândiţi în ultimele 45 000 de ani.[41] Am arătat că moştenirea Neanderthaliană a scăzut în mod continuu de la 3 – 6%, în majoritatea probelor analizate

din perioada anterioară, până la valoarea sa de astăzi, de circa 2%, si că această scădere a fost determinată de o selecţie naturală, larg răspândită, orientată împotriva ADN- ului Neanderthalian.

O mare parte a Neanderthalienilor erau răspândiţi în zona în care epocile de gheaţă au provocat afectări periodice semnificative ale populaţiilor de plante şi animale de care depindeau Neanderthalienii, situaţie cu care, cel mai probabil, strămoşii oamenilor moderni care trăiau în Africa tropicală nu s-au confruntat în aceeaşi măsură. Există confirmări genetice cu privire la dimensiunile mai reduse ale populaţiilor de Neanderthalieni comparativ cu cele ale oamenilor moderni, probate prin faptul că diversitatea genomurilor lor era de aproximativ patru ori mai redusă. Situaţia unui efectiv mic este problematică pentru sănătatea genetică a unei populaţii, deoarece fluctuaţiile frecvenţei mutaţiilor, care apar în fiecare generaţie, sunt suficient de mari pentru a permite unor mutaţii să se răspândească în populaţie, chiar împotriva tendinţei dominante a selecţiei naturale, care încearcă să le reducă frecvenţa.[42] Astfel, în jumătate de milion de ani de când Neanderthalienii s-au separat de oamenii moderni, genomurile Neanderthalienilor au acumulat mutaţii care s-ar fi putut dovedi dăunătoare atunci când, mai târziu, a apărut hibridizarea dintre Neanderthalieni si oamenii moderni.

Mutaţiile problematice din genomul Neanderthalian sunt într-un contrast puternic cu amestecurile mai recente ale populaţiilor

diferite de oameni moderni, unde nu apar dovezi ale unor astfel de efecte. De exemplu, în rândul afro-americanilor, în urma unor studii efectuate pe aproximativ 30 000 de indivizi, nu am găsit nicio dovadă a acţiunii selecţiei naturale împotriva moştenirii africane sau a celei europene.[43] O explicaţie pentru acest fapt este aceea că atunci când Neanderthalienii si oamenii moderni s-au amestecat, ei fuseseră separaţi pentru o perioadă de zece ori mai mare decât cea care a separat vest-africanii de europeni, dând mult mai mult timp incompatibilităţilor biologice să se dezvolte. 0 a doua explicaţie derivă din studii asupra multor specii, în care s-a observat că, atunci când apare infertilitatea între populaţii, aceasta este adesea datorată interacţiunilor dintre două gene situate în părţi diferite ale genomului. Fiind nevoie de două modificări pentru producerea unei astfel de incompatibilităţi, rata infertilităţii creşte cu pătratul timpului de separare a populaţiei, astfel încât un timp de separare de zece ori mai mare se traduce printr-o incompatibilitate genetică de 100 de ori mai accentuată. Având în vedere acest lucru, lipsa infertilităţii la hibrizii oamenilor moderni din ziua de astăzi nu mai pare a fi atât de surprinzătoare.

## TEZĂ, ANTITEZĂ, SINTEZĂ

Un element important al filozofiei Europei continentale, începând cu secolul al XVIII-lea, a fost convingerea că marşul ideilor se desfăşoară în mod „dialectic”: ciocnirea perspectivelor opuse, care conduce la o

sinteză.[44] Dialectica începe cu o „teză” urmată de o „antiteză”. Progresul este realizat în urma unei rezoluţii sau a unei „sinteze”, care transcende dezbaterea bilaterală care l-a generat.

Astfel s-a petrecut şi cu înţelegerea originii oamenilor moderni. Vreme îndelungată, mulţi antropologi au susţinut multiregionalismul, teoria conform căreia oamenii moderni din oricare loc din lume descind, în mod substanţial, din oamenii arhaici care au trăit în aceeaşi regiune geografică. Astfel, se considera că europenii îşi datorează mare

parte a moştenirii de la Neanderthalieni, est-asiaticii, de la oameni care s-au răspândit în estul Eurasiei, cu mai mult de 1 000 000 de ani în urmă, iar africanii, de la tipurile africane arhaice. Diferenţele biologice dintre populaţiile umane moderne ar fi avut, atunci, origini extrem de adânci.

Multiregionalismul şi-a întâlnit curând antiteza, teoria „afară din Africa”. Conform acestei teorii, oamenii moderni nu au evoluat în fiecare locaţie din lume, în mod separat, din formele locale arhaice. în schimb, oamenii moderni de pretutindeni provin dintr-o migraţie relativ recentă „afară din Africa” şi din Orientul Apropiat, care a început cu aproximativ 50 000 de ani în urmă. Datele recente referitoare la „Eva mitocondrială”, comparate cu divergenţa profundă a ADN-ului mitocondrial Neanderthalian, oferă unele dintre cele mai bune dovezi în favoarea acestei teorii. în opoziţie cu ipoteza multiregionalismului, teoria „afară din Africa” accentuează originea recentă a diferenţelor dintre populaţiile umane de astăzi, comparativ cu vârsta de mai multe milioane de ani a probelor de schelet uman.

Şi totuşi, nici argumentul teoriei „afară din Africa” nu este pe deplin corect. Astăzi deţinem o sinteză determinată de descoperirea fluxului de gene dintre Neanderthalieni şi oamenii moderni, bazată pe ADN- ul ancestral. Aceasta susţine o teorie de tip „ afară din Africa, în cea mai mare parte” şi relevă, de asemenea, ceva profund legat de cultura acelor oameni moderni care trebuie să-i fi cunoscut în mod intim pe

Neanderthalieni. în timp ce, din datele genetice, este limpede că oamenii moderni din afara Africii descind din expansiunea unui grup de origine africană, care s-a răspândit în întreaga lume, mai ştim şi că au avut loc unele încrucişări. Acest lucru trebuie să ne facă să

gândim diferit despre strămoşii noştri şi despre oamenii arhaici pe care i-au întâlnit. Neanderthalienii erau mult mai asemănători cu noi decât ne-am imaginat, fiind probabil capabili de multe comportamente pe care, în mod obişnuit, le asociem oamenilor moderni. Trebuie să fi existat schimburi culturale care au însotit acest amestec -

[3]

romanele lui William Golding şi Jean Auel au avut dreptate să dramatizeze aceste întâlniri. Ştim, de asemenea, că a existat o moştenire biologică transmisă de Neanderthalieni non-africanilor, inclusiv genele care au permis adaptarea la diferite medii eurasiatice, un subiect la care voi reveni în capitolul următor.

La încheierea proiectului genomului Neanderthalian sunt încă uimit de surprizele întâlnite. După ce am găsit primele dovezi ale încrucişării dintre Neanderthalieni si oamenii moderni, continui să am coşmaruri cum că această descoperire este un fel de eroare. Dar datele sunt teribil de consistente: dovezi ale încrucişării cu Neanderthalienii încep să îşi facă simţită prezenţa peste tot. Pe măsură ce ne continuăm lucrul în domeniul geneticii, întâlnim din ce în ce mai multe tipare care reflectă extraordinarul impact al acestei încrucişări asupra genomului oamenilor care trăiesc astăzi.

Astfel, analiza genetică ne-a forţat mâna. în loc să confirme aşteptările oamenilor de ştiinţă, a produs surprize. Acum ştim că populaţiile hibride, rezultate din încrucişarea Neanderthalienilor cu oamenii moderni, au trăit în Europa şi în lungul Eurasiei şi că, în timp ce multe populaţii hibride au murit la un

moment dat, unele au supravieţuit şi au dat naştere unui mare număr de oameni din prezent. Astăzi cunoaştem, cu aproximaţie, când anume s-au separat genealogiile Neanderthalienilor de cele ale oamenilor moderni. Ştim, de asemenea, că atunci când aceste genealogii s-au reîntâlnit, evoluaseră într-o asemenea măsură, încât se aflau la limita compatibilităţii biologice. Acest fapt ridică o întrebare: Au fost oare Neanderthalienii singurii oameni arhaici care s-au încrucişat cu strămoşii noştri? Sau au existat şi alte încrucişări[*] majore în trecutul nostru?[5]

# O varietate de linii umane

1 400 000 – 900 000 de ani În urma
Principala populaţie ancestrala de oameni moderni. Neanderthalieni. şi denisovani se separă de liniile super-arhaice.

770 000 – 550 000 de ani În urma
Estimarea genetică a separării populaţionale între Neanderthalieni şi oamenii moderni

700 OOO – 50 000 de ani în urma
.Hobi ţii’continuă să locuiască în

1 500 000 de am în

Liniile de ADN mitocondrial ale
şi ale indivizilor din Sima de los Huesos se separă de cele ale Neanderthalienilor si oamenilor

470 000 – 380 000 de ani in urma Estimarea genetică a separării populaţiei de Neanderthalieni de cea de

-430 000 de ani in urma
Scheletele din Sima de los Huesos si ADN-ul lor arată că lima Neanderthalienilor evolua deja în Europa.

54 000 – 48 000 de ani în urmâ
Neanderthalienii şi oamenii moderni se

200 000 de am în urmă 100 000 Prezent

400 000 – 270 000 de ani în urmâ Descendenţa denisovanilor siberieni se separă de cea a australo-denisovanilor

49000 – 44 000 de ani În urmâ
Denisovanii şi oamenii moderni se încrucişează.

470 000 – 360 000 de ani în urma
Data estimată la care liniile de ADN mitocondrial Neanderthalian se separă de cele ale oamenilor moderni

500 000 de am în urma – prezent

# CAPITOLUL 2

# ÎNTÂLNIRILE CU NEANDERTHALIENII

## ÎNTÂLNIREA DINTRE NEANDERTHALIENI SI OAMENII MODERNI

Astăzi, subgrupul particular de oameni căruia îi aparţinem – oamenii moderni – este singurul de pe planetă. I-am învins sau i-am exterminat pe ceilalţi oameni, mai ales în perioada de după acum aproximativ 50 000 de ani, când oamenii moderni sau răspândit prin Eurasia şi când mişcări majore ale oamenilor s-au petrecut probabil şi în interiorul Africii. Astăzi, cele mai apropiate rude pe care le mai avem sunt maimuţele antropoide africane: cimpanzeii, cimpanzeii bonobo (altfel cunoscuţi şi ca cimpanzei pitici – n. red.) şi gorilele, toate incapabile să confecţioneze unelte sofisticate sau să folosească un limbaj conceptual. Dar până acum aproximativ 40 000 de ani în urmă, lumea era locuită de numeroase grupuri de oameni arhaici, care erau diferiţi faţă de noi, din punct de vedere fizic, dar se deplasau biped şi împărtăşeau multe dintre abilităţile noastre, întrebarea la care informaţiile arheologice nu pot răspunde – dar la care ADN-ul poate – este în ce fel erau înrudiţi aceşti oameni arhaici cu noi.

Pentru niciun alt grup arhaic, răspunsul la această întrebare nu părea mai presant decât în cazul Neanderthalienilor. în Europa de acum 400 000 de ani, peisajul era dominat de aceşti oameni cu corpuri masive şi cu creiere puţin mai mari, în medie, decât ale noastre. Specimenul care le-a dat numele de Neanderthalieni a fost găsit de mineri, în 1856, într-o carieră de calcar de pe valea Neanderului (cuvântul german pentru vale este *Thal* sau *Tal).* Ani de zile, au existat dispute încinse dacă aceste rămăşiţe aparţineau unui om cu malformaţii, un strămoş uman, sau unei genealogii umane extrem de diferită de a noastră. Neanderthalienii au devenit primii oameni arhaici recunoscut! de stiintă. în



*Descendenţa omului şi selecţia sexuală,* publicată în 1871, Charles Darwin susţinea că oamenii sunt la fel ca şi celelalte animale, un produs al evoluţiei.[1] Deşi Darwin nu le-a apreciat el însuşi semnificaţia, Neanderthalienii au fost în cele din urmă recunoscuţi ca făcând parte dintr-o populaţie mult mai îndeaproape înrudită cu omul modern decât antropoidele care trăiesc şi astăzi, aducându-se dovezi în favoarea teoriei lui Darwin că astfel de populaţii trebuie să fi existat în trecut.

în următorul secol şi jumătate s-au descoperit multe alte schelete de Neanderthalieni. Aceste studii au evidenţiat faptul că Neanderthalienii au evoluat în Europa din oameni şi mai arhaici. în cultura populară, ei şi-au câştigat reputaţia de animalici – mult mai diferiţi de noi decât erau

în realitate. Reputaţia de primitivi a Neanderthalienilor a fost alimentată, în mare parte, de reconstrucţia, într-o postură cocoşată, a scheletului de Neanderthalian de la La Chapelle-aux-Saints, Franţa, realizată în 1911. Dar din toate dovezile pe care le avem, datând de acum peste 100 000 de ani, Neanderthalienii erau, din punct de vedere comportamental, la fel de sofisticaţi ca si strămoşii noştri – oamenii moderni anatomic.

Atât Neanderthalienii, cât şi oamenii moderni anatomic confecţionau unelte din piatră, folosind o tehnică numită Levallois, care necesită la fel de multă abilitate cognitivă şi dexteritate ca şi tehnicile de confecţionare a uneltelor care au apărut la oamenii moderni de acum aproximativ 50 000 de ani. Prin această tehnică, aşchiile de piatră se desprind cu grijă, pregătindu-se un miez care este foarte puţin asemănător cu unealta care va rezulta, astfel încât cei care confecţionează unealta trebuie să păstreze în minte o imagine a felului în care va trebui să arate produsul finalizat şi să execute paşi complecşi de prelucrare a pietrei iniţiale pentru a ajunge la produsul dorit.

Alte semne ale complexităţii cognitive a Neanderthalienilor includ dovezile că aveau grijă de cei bolnavi şi bătrâni. Săpăturile arheologice din peştera Shanidar, din Irak, au dus la descoperirea a nouă schelete, care se pare că au fost îngropate acolo în mod deliberat, unul dintre ele aparţinând unui individ bătrân, pe jumătate orb, cu un braţ atrofiat, fapt care sugerează că acest bătrân

nu ar fi putut supravieţui decât dacă prietenii şi familia sa i-ar fi purtat de grijă cu dragoste, multă vreme.[2] Neanderthalienii preţuiau, de asemenea, simbolismul, aşa după cum reiese din podoabele făcute din gheare de vulturi, găsite în peştera Krapina, din Croaţia, şi datând de acum aproximativ 130 000 de ani[3], precum şi cercurile de piatră construite în adâncul peşterii Bruniquel, din Franţa, care datează de acum aproximativ 180 000 de ani.[4]

Si totuşi, în ciuda asemănărilor dintre Neanderthalieni şi oamenii moderni, există şi diferenţe profunde. Un articol din anii 1950 susţinea că un Neanderthalian la metroul din New York nu ar atrage în niciun fel atenţia, „dacă ar fi spălat, ras şi îmbrăcat cu haine moderne”[5]. Dar, în realitate, fruntea sa, cu sprâncenele straniu ieşite în evidenţă şi corpul foarte musculos, l-ar da de gol. Neanderthalienii erau mult mai diferiţi de populaţia umană de astăzi decât sunt populaţiile de astăzi, unele fată de celelalte.

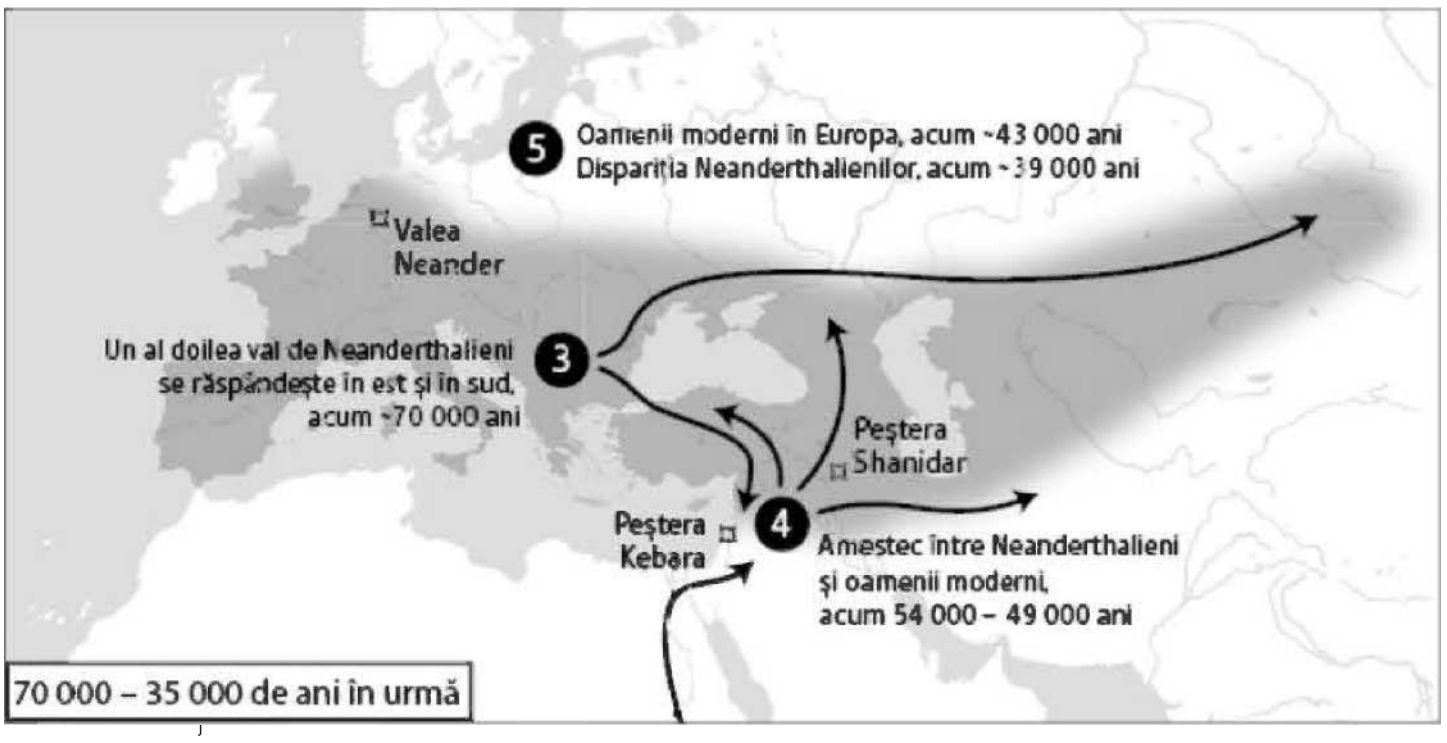
întâlnirea dintre Neanderthalieni si oamenii moderni a alimentat, de asemenea, imaginaţia scriitorilor. în cartea *Moştenitorii,* a lui William Golding, apărută în 1955, o ceată de Neanderthalieni este ucisă de oamenii moderni care adoptă, ulterior, un copil Neanderthalian care a supravieţuit.[6] în *The Clan of the Cave Bear,* a lui lean Auel, din 1980, o femeie de om modern este crescută de Neanderthalieni, iar ideea acestei cărţi este dramatizarea interacţiunii strânse dintre aceste două grupuri sofisticate de oameni, atât de străine unul faţă de celălalt şi în acelaşi timp atât de asemănătoare.[7]

Există dovezi ştiinţifice solide că oamenii moderni si Neanderthalienii s-au întâlnit. Cele mai directe provin din vestul Europei, de unde Neanderthalienii au dispărut acum aproximativ 39 000 de ani.[8] Sosirea oamenilor moderni în vestul Europei s-a petrecut cu cel puţin câteva mii de ani înainte, după cum s-a descoperit în peştera Fumane, din sudul Italiei, unde, acum aproximativ 44 000 de ani, uneltele de tip Neanderthalian au fost înlocuite cu unelte caracteristice oamenilor moderni. în sud-vestul Europei, au fost găsite unelte tipice oamenilor moderni, confecţionate în stilul numit Châtelperronian, printre rămăşiţe de Neanderthalieni, care datează de acum 40 000 – 39 000 de ani, ceea ce sugerează că este posibil ca Neanderthalienii să fi imitat uneltele oamenilor moderni sau că între cele două grupuri aveau loc schimburi de bunuri. Totuşi, nu toţi arheologii sunt de acord cu aceste interpretări, existând controverse dacă uneltele respective au fost realizate de Neanderthalieni sau de oamenii moderni.[9]

întâlniri între Neanderthalieni si oamenii moderni nu au avut loc doar în Europa, ci, aproape sigur, şi în Orientul Apropiat. începând de acum aproximativ 70 000 de ani, o populaţie de Neanderthalieni puternică şi de succes s-a răspândit din Europa în Asia Centrală, până la munţii Altai, şi în Orientul Apropiat. Orientul Apropiat era deja locuit de oamenii moderni, după cum este atestat de rămăşiţele găsite în peştera Skhul, din Carmel Ridge, Israel şi în peştera Qafzeh, din Galileea Inferioară, datând de acum 130 000 –

100 000 de ani.[10] Mai târziu, Neanderthalienii s-au deplasat în această zonă, unde s-a găsit un schelet în peştera Kebara, din Carmel Ridge, datând de acum 60 000 – 48 000 de ani.[11] Anulând ideea pe care am putea să o avem, aceea că oamenii moderni au înlocuit Neanderthalienii pretutindeni, Neanderthalienii avansau din patria lor (Europa), chiar în momentul în care oamenii moderni se retrăgeau. Cu toate acestea, cândva acum 60 000 de ani, oamenii moderni au început să predomine în Orientul Apropiat. Acum Neanderthalienii erau cei învinşi, în urma acestor întâlniri, şi au dispărut nu numai din Orientul Apropiat, ci şi din toate celelalte părţi ale Eurasiei. Astfel, în Orientul Apropiat au existat cel puţin două ocazii favorabile de întâlnire între Neanderthalieni şi oamenii moderni: prima, atunci când oamenii moderni timpurii au populat pentru prima oară regiunea, acum mai bine de 100 000 de ani, şi i-au întâlnit pe Neanderthalienii aflaţi în expansiune, şi a doua, atunci când oamenii moderni au revenit şi i-au înlocuit pe Neanderthalieni, acum 60 000 – 50 000 de ani.

Interacţiunea Neanderthalienilor


5
Oamenii moderni în Europa, acum ~43 000 ani
Dispariția Neanderthalienilor, acum ~39 000 ani
Valea Neander
Un al doilea val de Neanderthalieni se răspândește în est și în sud, acum ~70 000 ani
3
Peștera Shanidar
Peștera Kebara
4
Amestec între Neanderthalieni și oamenii moderni, acum 54 000 – 49 000 ani
70 000 – 35 000 de ani în urmă

cu oamenii

**Figura 6.** *Acum aproximativ 400 OOO de ani, Neanderthalienii erau oamenii dominanţi în vestul Eurasiei, răspândindu-se în cele din urmă spre est până la înunţii Altai. Ei au supravieţuit valului iniţial de oameni moderni, cel puţin până acum 120 OOO de ani. Apoi, acum aproximativ 60 OOO de ani, oamenii moderni au pornit într-un al doilea val dinspre Africa în*

*Eurasia, tn scurtă vreme, Neanderthalienii au dispărut.*

Oare s-au încrucişat între ele cele două populaţii? Se numără oare Neanderthalienii printre strămoşii direcţi ai vreunora dintre oamenii din prezent? Există unele dovezi scheletale ale hibridizării. Erik Trinkhaus a identificat rămăşiţe precum cele din Peştera cu Oase din România, pe care le consideră a fi intermediare între Neanderthalieni si oamenii moderni.[12] Totuşi, trăsături scheletice comune pot reflecta, uneori, adaptări la aceleaşi presiuni ale mediului ambiant, nu neapărat o origine comună. Acesta este motivul pentru care descoperirile arheologice şi scheletele nu pot stabili înrudirea noastră cu Neanderthalienii. Studiile asupra genomului pot.

## ADN-UL NEANDERTHALIAN

La început, oamenii de ştiinţă care studiau ADN-ul ancestral s-au concentrat aproape în exclusivitate pe ADN-ul mitocondrial din două

motive. în primul rând, există aproximativ 1 000 de copii ale ADN-ului mitocondrial în fiecare celulă, comparativ cu numai două copii ale celei mai mari părţi din restul genomului, din fiecare celulă, ceea ce creştea şansa unei extracţii reuşite. în al doilea rând, ADN-ul mitocondrial este dens în informaţie: pentru un număr dat de litere, există mult mai multe diferenţe în ADN-ul mitocondrial decât în cele mai multe alte locuri din genom, ceea ce permite obţinerea unei măsurători mai precise cu privire la timpul de separare genetică pentru fiecare literă ADN care este analizată. Analiza datelor mitocondriale a confirmat că Neanderthalienii împărtăşeau, pe linie maternă, strămoşi comuni cu oamenii moderni, de dată mai recentă decât se credea initial[13] – cea mai bună estimare actuală a vârstei strămoşului comun este de 470 000 – 360 000 de ani.[14]

Analiza ADN-ului mitocondrial a confirmat, de asemenea, că Neanderthalienii erau foarte diferiţi. Tipul lor de ADN se găseşte în afara

paletei de variaţii ale oamenilor din prezent, împărtăşind un strămoş comun cu noi, la o dată de câteva ori mai îndepărtată decât cea la care „Eva mitocondrială”[15] a trăit.

ADN Neanderthalian mitocondrial nu a adus dovezi în sprijinul teoriei că Neanderthalienii şi oamenii moderni s-ar fi încrucişat între ei, atunci când s-au întâlnit, dar în acelaşi timp, dovezile provenite din ADN-ul mitocondrial nu au putut exclude contribuţia Neanderthalienilor, cu aproximativ 25%, la ADN-ul non-africanilor de astăzi.[16] Există o explicaţie pentru care afirmaţiile despre contribuţia Neanderthaliană la zestrea genetică a oamenilor moderni, contribuţie bazată numai pe ADN-ul mitocondrial, sunt atât de slabe. Chiar dacă oamenii moderni de astăzi, din afara Africii, au o moştenire Neanderthaliană substanţială, există doar una sau câteva femei care au trăit pe acea vreme şi care au fost suficient de norocoase, încât să transmită ADN lor mitocondrial oamenilor de astăzi, iar dacă cele mai multe dintre aceste

femei aparţineau liniei oamenilor moderni, tiparele pe care le găsim astăzi nu ar fi surprinzătoare. Aşadar, datele mitocondriale nu erau concludente, însă totuşi opinia conform căreia Neanderthalienii şi oamenii moderni nu s-au încrucişat a rămas literă de lege până când echipa lui Svante Pääbo a extras ADN-ul din întregul genom al unui Neanderthalian, făcând posibilă examinarea istoriei tuturor strămoşilor săi, nu numai a celor pe linie maternă.

Progresele în secvenţierea întregului genom Neanderthalian au fost posibile graţie saltului uriaş în eficienţa tehnologiei de studiere a ADN-ului ancestral, în deceniul ce a urmat secvenţierii ADN- ului mitocondrial Neanderthalian.

înainte de 2010, pilonul cercetării ADN-ului ancestral era o tehnică numită „reacţia de polimerizare în lanţ” (PCR). Tehnica implica selectarea unui fragment ţintă de ADN, urmată de sintetizarea de fragmente de ADN, lungi de aproximativ 20 de litere, care să se

potrivească genomului din fiecare capăt al segmentului ţintit. Aceste fragmente unice selectează partea ţintită a genomului, care este apoi duplicată de numeroase ori de către enzime. Rezultă că, dintr-un fragment minuscul de ADN din probă, se ajunge la alcătuirea unei secvenţe dominante. Această metodă elimină majoritatea restului de ADN (partea care nu este ţintită). Totuşi, poate extrage cel puţin acea parte de ADN care este de interes.

Noua metodă de extragere a ADN-ului ancestral era radical diferită. Se baza pe secvenţierea întregului ADN din probă, indiferent din ce parte a genomului provenea şi fără o preselectare a ADN-ului prin secvenţe ţintite. Această metodă a valorificat puterea noilor tehnologii, care din 2006 până în 2010 au redus costurile secvenţierii de cel puţin 10 000 de ori. Datele puteau fi analizate de computer pentru a pune laolaltă cea mai mare parte a genomului sau, dimpotrivă, pentru selectarea unei gene care prezenta

interes.

Pentru a face posibilă funcţionarea acestei noi metode, echipa lui Pääbo a trebuit să depăşească numeroase dificultăţi. în primul rând, a trebuit să găsească un os din care să poată extrage suficient ADN. Antropologii lucrează deseori cu fosile – oase complet mineralizate, transformate în piatră. Dar este imposibil să obţii vreun pic de ADN din fosile propriu-zise. Pääbo căuta deci oase care nu fuseseră complet mineralizate şi care mai conţineau material organic, inclusiv urme de ADN bine conservate. în al doilea rând, presupunând că echipa putea să găsească „o probă de aur” cu ADN bine conservat, trebuia să depăşească problema contaminării probei cu ADN microbian, provenit de la ciupercile şi bacteriile care s-au încorporat în os, după moartea individului. Acestea reprezintă majoritatea copleşitoare a ADN-ului provenit din probele cele mai vechi. în cele din urmă, echipa trebuia să ia în considerare şi posibila contaminare realizată de către cercetători –

arheologi sau biologi molecularişti –, care au manevrat probele şi chimicalele şi care este posibil să fi lăsat urme ale propriului lor ADN pe probe.

Contaminarea reprezintă un pericol uriaş pentru studierea ADN-ului uman ancestral. Secvenţele contaminate pot induce în eroare analiştii, deoarece oamenii moderni care manipulează probele sunt înrudiţi, chiar dacă foarte îndepărtat, cu individul de la care se execută extragerea şi secvenţierea. Un fragment de ADN ancestral tipic, de la o probă bine conservată de Neanderthalian, are o lungime de aproximativ 40 de litere, în timp ce raportul diferentelor dintre oamenii moderni si Neanderthalieni este de 1:600 de litere, astfel încât uneori este imposibil de precizat dacă un anumit fragment de ADN provine din os sau de la persoana care a manevrat osul. Contaminarea a dat nenumărate bătăi de cap cercetătorilor ADN-ului ancestral. De exemplu, în 2006, grupul lui Pääbo a secvenţiat aproximativ 1 000 000

de litere ADN de la Neanderthalieni, ca o probă-test înainte de secvenţierea întregului genom.[17] O mare parte dintre secvenţe erau contaminate de oamenii moderni, fapt care a compromis interpretarea datelor.[18]

Măsurile moderne de prevenire a contaminării ADN-ului ancestral, care începuseră deja să fie aplicate în studiul din 2006 şi care au devenit chiar şi mai elaborate după aceea, implică un set obsesiv de precauţii. Pentru studiul din 2010, în care Pääbo şi echipa lui au secvenţiat cu succes un genom Neanderthalian necontaminat, au luat fiecare dintre oasele pe care le-au analizat într-o „cameră sterilă”, pe care au adaptat-o după tiparul camerelor sterile utilizate în instalaţiile de producere a microcipurilor din industria computerelor. Exista o lampă suspendată cu ultraviolete precum cele folosite în sălile de operaţie, care era aprinsă de fiecare dată când cercetătorii nu erau prezenţi acolo, pentru a transforma ADN-ul contaminant într-o formă care nu poate fi

secvenţiată (lumina distruge şi ADN-ul ancestral de la suprafaţa probelor, dar cercetătorii găuresc piesa în profunzime, astfel putând accesa ADN-ul care nu a fost distrus). Aerul era ultra-filtrat pentru a îndepărta şi cele mai mici particule de praf – orice era mai mare de o miime din grosimea firului de păr uman – care ar fi putut conţine ADN. Laboratorul era presurizat astfel încât aerul circula dinspre interior spre exterior, pentru a proteja probele de orice ADN contaminant care ar fi putut pătrunde din afara laboratorului.

Existau trei camere separate în laborator. în prima, cercetătorii primeau costume întregi, curate, mănuşi şi măşti faciale. în a doua încăpere, plasau oasele alese pentru analiză într-o incintă unde erau expuse la radiaţii UV de înaltă energie, pentru a transforma ADN-ul contaminant, care s-ar fi putut găsi la suprafaţa probelor, într-o formă care nu poate fi secvenţiată. Apoi, cercetătorii perforau oasele cu ajutorul unei freze dentare

sterilizate, colectau zeci sau sute de miligrame de pudră într-o fo-lie de aluminiu iradiată UV şi depozitau această pudră într-un tub iradiat UV. în a treia cameră, scufundau pudra în soluţii chimice care îndepărtau mineralele şi proteinele din os şi treceau soluţia prin nisip pur (dioxid de siliciu), care, în condiţii adecvate, leagă ADN-ul, în acelaşi timp îndepărtând compuşii care afectează reacţiile chimice folosite pentru secventiere.

Apoi cercetătorii au dat fragmentelor de ADN o formă care putea fi secvenţiată. Mai întâi, au îndepărtat chimic capetele zdrenţuite ale fragmentelor de ADN care se degradaseră după zeci de mii de ani petrecuţi sub pământ. Ca o măsură suplimentară de îndepărtare a contaminărilor, faţă de ceea ce se făcuse în studiul din 2006, Pääbo şi echipa sa au ataşat o secvenţă artificială de litere, un „cod de bare” chimic la capetele fragmentelor de ADN. Orice secvenţe contaminate care au intrat în experiment după fixarea acestui cod

de bare puteau astfel să fie diferenţiate fată de ADN-ul ancestral din probă. Pasul final a fost acela de a ataşa adaptori moleculari la fiecare capăt, ceea ce permitea secvenţierea fragmentului de ADN în una dintre noile maşini care realiza secventieri de zeci de mii de ori

I J

mai ieftin decât tehnologia precedentă.

Cele mai bine conservate probe de Neanderthalian au fost trei oase ale mâinii şi piciorului, cu o vechime de aproximativ 40 000 de ani, descoperite în peştera Vindija, din munţii Croaţiei. După secvenţierea ADN- ului din aceste oase, echipa lui Păăbo a descoperit că majoritatea fragmentelor de ADN obţinute aparţineau bacteriilor şi fungilor care colonizaseră oasele. Dar prin compararea a milioane de fragmente cu secvenţele de genom ale oamenilor moderni şi ale cimpanzeilor, au descoperit aur în mijlocul zgurii. Aceste genomuri de referinţă erau ca imaginea de pe o cutie de puzzle, oferind

cheia alinierii micilor fragmente de ADN pe care le secvenţiaseră. Oasele conţineau până la 4% ADN uman arhaic.

Odată ce Pääbo şi-a dat seama, în 2007, că va putea să secvenţieze aproape întregul genom Neanderthalian, a organizat o echipă internaţională de experţi cu scopul de a se asigura că analiza datelor va fi corectă. Astfel am ajuns să fiu implicat, împreună cu principalul meu partener ştiinţific, matematicianul Nick Patterson. Pääbo ne-a contactat, deoarece, în ultimii cinci ani, deveniserăm noi înşine inovatori în studiul amestecului populaţional. în cursul numeroaselor deplasări în Germania, am jucat un rol important în analizele care au dovedit încrucişările dintre Neanderthalieni si unii oameni moderni.

## AFINITĂŢILE DINTRE NEANDERTHALIENI SI NON AFRICANI

Secvenţele de genom Neanderthalian cu care am lucrat au fost, din păcate, pline de erori. Ne puteam da seama de acest lucru, deoarece datele sugerau că au apărut de câteva ori mai multe mutaţii în linia Neanderthalienilor decât în linia oamenilor moderni, după momentul separării celor două secvenţe de Strămoşii lor comuni. Cele mai multe dintre aceste mutaţii aparente nu pot fi reale, deoarece mutaţiile apar cu o rată relativ constantă, în timp, şi cum oasele Neanderthalienilor erau străvechi, ele erau mai apropiate în timp de strămoşul comun decât genomurile oamenilor moderni de astăzi, deci ar fi trebuit să acumuleze mai puţine mutaţii. Bazându-ne pe gradul de mutaţii în exces din genealogia Neanderthaliană, am estimat că secvenţele cu care lucram aveau, cu aproximaţie, câte o eroare la fiecare 200 de litere ADN. Deşi poate părea puţin, este în realitate cu mult mai mare decât adevăratul raport al

diferentelor dintre Neanderthalieni si oamenii moderni de astăzi, astfel încât majoritatea diferenţelor pe care le-am găsit erau erori create de procesul de măsurare, iar nu diferenţe reale între genomul Neanderthalian şi cel al oamenilor moderni actuali. Pentru a rezolva această problemă, ne-am restrâns studiul la poziţiile din genom despre care se cunoaşte că sunt variabile în rândul oamenilor de astăzi. în aceste poziţii, o rată a erorilor de aproximativ 0,5% era prea mică pentru a induce confuzii de interpretare. Bazându-ne pe aceste poziţii, am creat un test matematic pentru a măsura dacă Neanderthalienii erau mai strâns înrudiţi de unii oameni moderni de astăzi decât de altii.

Testul pe care l-am dezvoltat se numeşte, astăzi, „testul celor patru populaţii" şi a devenit calul de bătaie în compararea populaţiilor. Testul ia drept informaţii de intrare literele ADN găsite în aceeaşi poziţie în patru genomuri: de exemplu, două

genomuri de oameni moderni, un genom de Neanderthalian şi unul de cimpanzeu. Testul examinează dacă, în poziţiile în care există o mutaţie care deosebeşte cele două genomuri de oameni moderni, această mutaţie este observabilă şi în genomul Neanderthalian – ceea ce trebuie să reflecte o mutaţie care a apărut înainte de separarea finală a Neanderthalienilor de oamenii moderni – si dacă se potriveşte cu al doilea genom uman modern, într-un mod diferit decât se potriveşte cu primul. Dacă cei doi oameni moderni descind dintr-o populaţie ancestrală comună, care s-a separat mai timpuriu de strămoşii Neanderthalienilor, nu există motive

pentru care mutaţia respectivă să se fi transmis în mai mare măsură într-o linie de oameni moderni decât în cealaltă. în acest caz, rata de potrivire a fiecăruia dintre genomurile celor două linii umane moderne cu cel al Neanderthalienilor ar trebui să fie

egală. Din contra, dacă Neanderthalienii s-au încrucişat cu unii oameni moderni, atunci populaţia umană modernă descendentă din încrucişare va avea
în comun cu Neanderthalienii mai multe mutatii.

Când am testat diverse populaţii umane actuale, am descoperit că Neanderthalienii sunt aproape la fel de apropiaţi de europeni, est-asiatici şi papuaşi, dar mai aproape înrudiţi cu toate populaţiile non- africane decât cu toate populaţiile africane subsahariene, inclusiv populaţii atât de diferite precum vest-africanii şi populaţia san de vânător- culegători din sudul Africii. Diferenţa a fost mică, dar probabilitatea ca aceste descoperiri să fie întâmplătoare este mai mică de una la un cvadrilion. Am ajuns la aceeaşi concluzie indiferent de modul în care am analizat datele. Acesta a fost tiparul care era de aşteptat dacă Neanderthalienii s-ar fi încrucişat cu strămoşi ai non-africanilor, dar

nu şi cu cei ai africanilor.

# Testul celor patru populaţii

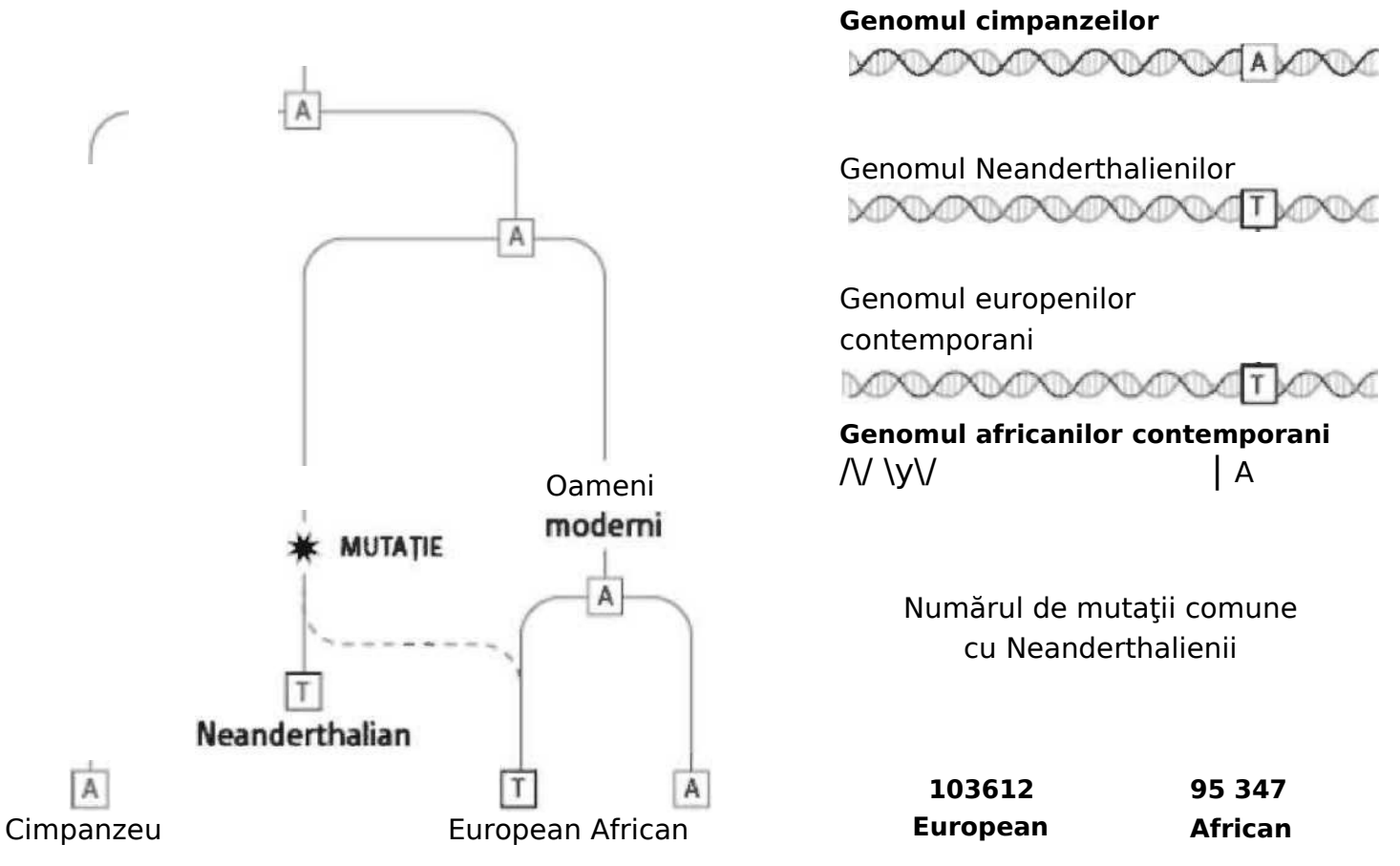



Figura 7. *Putem evalua dacă două populaţii se potrivesc descendenţei dintr-o populaţie ancestrală comună folosind „testul celor patru populaţii”. De exemplu, considerăm o mutaţie care a apărut la strămoşii Neanderthalienilor (litera T, de mai sus) şi care nu se găseşte în ADN-ul cimpanzeilor. Există cu 9% mai multe mutaţii de acest fel împărtăşite cu genomurile populaţiilor europene decât cu genomurile celor*

## ÎNCERCAREA DE A SCĂPA DE DOVEZI

Eram sceptici cu privire la această concluzie, deoarece era contrară consensului ştiinţific de la acea dată – un consens care era puternic fixat în mintea multora dintre membrii echipei noastre. Pääbo îşi făcuse pregătirea postdoctorală în laboratorul care a descoperit, în 1987, că ramificaţia cea mai profundă a descendentelor ADN-ului mitocondrial uman se găseşte astăzi în Africa, reprezentând o dovadă puternică în favoarea originii africane a tuturor oamenilor moderni. însăşi lucrarea lui Pääbo, din 1997, a întărit această dovadă, a originii pur africane, arătând că ADN-ul mitocondrial Neanderthalian se plasează mult în afara tuturor variaţiilor omului modern.[19] Şi eu m-am alăturat proiectului genomului Neanderthalian cu o puternică prejudecată împotriva posibilităţii încrucişării Neanderthalienilor cu oamenii moderni. îndrumătorul meu de doctorat, David Goldstein, fusese elev al lui Cavalli-Sforza, care transformase modelul originii africane a omului în piesa centrală a modelelor sale de evoluţie umană şi eram cufundat în această paradigmă. Datele genetice pe care le cunoşteam susţineau scenariul originii africane într-un mod atât de solid, încât, din punctul meu de vedere, versiunea cea mai strictă a ipotezei originii africane, cea în care nu existaseră încrucişări între Neanderthalieni si strămoşii oamenilor de astăzi, părea a fi un pariu sigur.

Din cauza convingerilor noastre anterioare eram foarte suspicioşi în legătură cu dovada referitoare la încrucişările cu Neanderthalienii, astfel încât am aplicat o serie de teste foarte severe pentru a-i găsi o hibă. Am testat dacă rezultatul era dependent de tehnologia de secvenţiere a genomului, pe care am folosit-o, dar am obţinut acelaşi rezultat folosind două tehnologii foarte diferite. Am considerat posibilitatea ca descoperirea noastră să fi fost un artefact dat de o rată crescută de erori din ADN-ul ancestral, care se cunoaşte că afectează anumite litere ADN mai mult decât pe altele. Totuşi, am obţinut acelaşi rezultat indiferent de tipul de mutaţie pe care l-am analizat. Ne-am pus întrebarea dacă datele noastre nu se datorau contaminării probei Neanderthaliene cu ADN uman contemporan. Poate că acest lucru ar fi alterat datele, în ciuda măsurilor pe care echipa lui Pääbo le luase pentru protejarea lor în laborator şi în ciuda testelor pe care le-am făcut pentru a măsura gradul de contaminare umană modernă, care a sugerat că orice contaminare care ar fi existat era prea mică pentru a produce tiparele observate. Totuşi, chiar dacă ar fi existat contaminări provenite de la oamenii din ziua de azi, tiparele pe care le-am observat nu arătau deloc precum cele la care ne-am fi aşteptat. Dacă ar fi existat contaminare, cel mai probabil aceasta ar fi provenit de la un european, de vreme ce majoritatea oaselor de Neanderthalieni pe care le-am analizat au fost dezgropate şi manevrate de europeni. Şi totuşi, secvenţa Neanderthaliană nu era mai

apropiată de europeni decât de est-asiatici sau de papuaşi – trei populaţii foarte diferite.

Am rămas sceptici, întrebându-ne dacă nu exista ceva la care nu ne-am gândit şi care ar putea explica aceste tipare. Apoi, în iunie 2009, am participat la o conferinţă la Universitatea din Michigan, unde l-am întâlnit pe Rasmus Nielsen, care cercetase genomurile diverselor persoane din întreaga lume. în cele mai multe părţi ale genomului, africanii sunt mai diverşi genetic decât non-africanii şi poartă genealogiile cele mai profund divergente, cum este cazul ADN-ului mitocondrial. Dar Nielsen identificase locuri rare din genom în care diversitatea genetică dintre non-africani era mai mare decât la africani, din cauza descendenţelor care au scindat, de timpuriu, arborele secvenţelor umane actuale şi care erau prezente numai la non-africani. Nielsen s-a alăturat grupului nostru şi a comparat regiunile pe care le identificaseră el şi colegii săi, cu datele noastre. Când a comparat 12 dintre regiunile sale speciale cu secvenţele de genom Neanderthalian, a găsit că în zece dintre ele exista o potrivire strânsă cu Neanderthalienii. Aceasta era o fracţiune mult prea mare pentru a fi apărut întâmplător. Majoritatea fragmentelor de ADN extrem de divergente ale lui Nielsen trebuiau să fi avut origine Neanderthaliană.

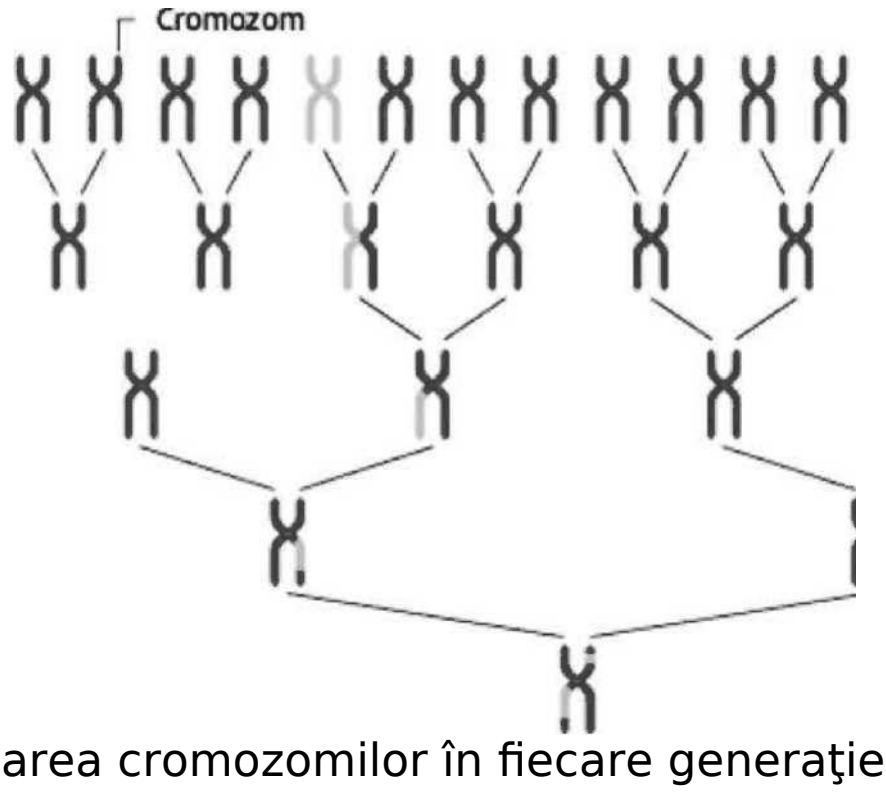
Apoi am obţinut o datare a momentului în care materialul genetic de provenienţă Neanderthaliană a pătruns în cel al strămoşilor non-africanilor. Pentru asta, am profitat de recombinări – procesul care apare

în cursul producerii spermatozoizilor sau a ovulelor unei persoane şi prin care porţiuni mari de ADN parental este schimbat pentru a produce noi cromozomi care sunt transmişi urmaşilor. Să considerăm, de exemplu, o femeie care reprezintă prima generaţie, în urma împerecherii dintre o mamă Neanderthaliană si un tată om modern. în celulele sale, fiecare pereche de cromozomi constă dintr-un cromozom nefragmentat de la mamă şi unul, de asemenea, nefragmentat, de la tată. în schimb, ovulele sale conţin 23 de cromozomi micsti. Unul dintre cromozomii săi din ovul poate să fie alcătuit dintr-o jumătate de origine Neanderthaliană şi cealaltă jumătate, de origine umană modernă. Să presupunem că această femeie se împerechează cu un bărbat aparţinând oamenilor moderni, iar încrucişarea continuă, de-a lungul generaţiilor, cu mai multi oameni moderni. De la o generaţie la alta, segmentul de ADN Neanderthalian este fragmentat în bucăţele din ce în ce mai mici, recombinările operând ca lama unui procesor de alimente, care taie ADN-ul parental în diferite poziţii din lungul cromozomului, în fiecare generaţie. Măsurând dimensiunile tipice ale fragmentelor de ADN înrudit cu Neanderthalienii la oamenii din ziua de astăzi, evidente din dimensiunile secvenţelor care se potrivesc cu genomul Neanderthalian mai mult decât cu cele africane subsahariene, putem afla cât de multe generaţii au trecut de când ADN-ul Neanderthalian a pătruns în strămoşii unei persoane care trăieşte astăzi.

Adoptând această abordare, am constat că

cel puţin o parte din materialul genetic înrudit cu Neanderthalienii a pătruns în strămoşii non- africanilor de astăzi acum 86 000 – 37 000 de ani în urmă.[20] Am mai revizuit de atunci aceste date, prin analizarea ADN-ului ancestral provenit de la un om modern din Siberia, care, după cum au arătat studiile de datare cu $^{14}C$, a trăit acum aproximativ 45 000 de ani. Fragmentele de ADN provenite de la Neanderthalieni şi prezente la acest individ sunt, în medie, de şapte ori mai mari decât fragmentele cu aceeaşi provenienţă, întâlnite la oamenii moderni de astăzi, confirmând că acesta a trăit mult mai aproape de momentul în care s-a produs încrucişarea cu Neanderthalienii. Apropierea în timp de momentul încrucişării face posibilă datarea mai precisă a acestui eveniment la o perioadă cuprinsă între acum 54 000 si 49 000 de ani în urmă.[21]

Dar, în anul 2012, nu dovedisem încă faptul că încrucişarea pe care am detectat-o fusese cu Neanderthalieni propriu-zişi. Cea mai serioasă întrebare a venit de la Graham Coop, care era convins că am detectat încrucişări cu oameni arhaici, dar care sublinia că este posibil ca aceste încrucişări să nu fi fost, în realitate, cu Neanderthalienii.[22] în schimb, tiparele ar fi putut să fie rezultatul încrucişării cu un alt om arhaic, necunoscut încă, şi care ar fi fost, de departe, înrudit cu Neanderthalienii.




Fragmentarea cromozomilor în fiecare generaţie...

Stră-

Străbunic

Bunici

Părinţi

Copil

...ne furnizează un registru pentru datarea încrucişărilor.

ADN Neanderthalian din cromozomul 12

ADN de la un individ roman la 200 – 100 de ani *după încrucişare*

ADN de la un individ siberian la 8 000 – 5 000 de ani *dupd încrucişare*

Fragmente de ADN Neanderthalian —

ADN de la o persoană din China de astăzi la 54 000 – 49 000 de ani *dupdIncrudţare*

**Figura 8.** *Când o persoana produce un spermatozoid sau un ovul, el ori ea transmite noii generaţii numai câte un cromozom din fiecare dintre cele 23 de perechi pe care le deţine. Cromozomii transmişi sunt versiuni încrucişate ale celor moşteniţi de la mama şi de la tatăl persoanei respective (vezi schema de la pag. 84). Asta înseamnă că dimensiunile fragmentelor de ADN Neanderthalian din genomurile oamenilor moderni devin tot mai mici, pe măsură ce creşte timpul de la momentul încrucişării (alăturat, date reale de la cromozomul 12).*

Un an mai târziu, am fost capabili să eliminăm scenariul lui Coop, după ce laboratorul lui Pääbo a realizat o secvenţiere de înaltă calitate a genomului Neanderthalian dintr-o falangă a unui deget, găsită în sudul Siberiei, şi care data de acum cel puţin 50 000 de ani (dacă proba este mai veche de 50 000 de ani, datarea cu radiocarbon poate oferi doar data cea mai recentă, prin urmare proba ar putea fi semnificativ mai veche).[23] Din acest genom, am fost capabili să extragem cam de 40 de ori mai multe date decât din proba de Neanderthal din Croaţia. Cu atât de multe date la dispoziţie, am putut verifica încrucişat secvenţa si elimina erorile. Secvenţa rezultată era
mai puţin încărcată de erori decât cele mai multe genomuri generate de la oamenii vii. Secvenţa de înaltă calitate ne-a permis să determinăm cât de îndeaproape sunt înrudiţi oamenii moderni cu Neanderthalienii, bazându-ne pe numărul de mutaţii care au apărut în diferitele filiaţii de când s-au separat. Nu am descoperit aproape niciun segment prin care Neanderthalianul siberian să fi împărtăşit vreun strămos comun cu africanii subsaharieni de astăzi, în ultima jumătate de milion de ani. Cu toate acestea, existau segmente comune cu non-africanii, în ultimii aproximativ 100 000 de ani. Aceste date se potrivesc cu intervalul de timp în care Neanderthalienii s-au stabilit pe deplin în vestul Eurasiei. Asta înseamnă că încrucişarea a avut loc cu Neanderthalieni adevăraţi, nu cu grupuri vag înrudite cu aceştia.

Aşadar, cât de multă moştenire Neanderthaliană posedă non-africanii din ziua de astăzi? Am descoperit că genomurile non-africanilor de astăzi au între 1,5 – 2,1% ADN de origine Neanderthaliană[24], cu valorile cele mai mari la est-asiatici si valorile cele mai scăzute la europeni, în ciuda faptului că Europa a fost leagănul Neanderthalienilor.[25] Ştim acum că parte a explicaţiei este diluţia. ADN-ul ancestral al europenilor, care au trăit cu mai bine de 9 000 de ani în urmă, arată că europenii pre-agricultori aveau la fel de multă origine Neanderthaliană ca şi est- asiaticii de astăzi.[26] Reducerea moştenirii Neanderthaliene la europenii de astăzi se datorează faptului că ei posedă parte din genealogie de la un grup de oameni care s-au separat de toţi ceilalţi non- africani înainte de amestecul cu Neanderthalienii (povestea acestui grup separat timpuriu, evidenţiată de studiul ADN-ului ancestral, este prezentată în partea a doua a acestei cărţi). Răspândirea agricultorilor cu această moştenire a diluat moştenirea Neanderthaliană în Europa, dar nu şi în estul Asiei.[27]

Bazându-ne numai pe datele arheologice, ar părea plauzibil că Neanderthalienii s-au încrucişat cu oamenii moderni în Europa, locul de origine a Neanderthalienilor. Dar oare acesta este locul unde sau petrecut cele mai multe încrucişări care şi-au lăsat amprenta asupra oamenilor de astăzi? Datele genetice nu ne pot spune acest lucru cu

certitudine. Ele pot arăta felul în care sunt înrudiţi oamenii, dar aceştia sunt capabili să migreze mii de kilometri în cursul vieţii, chiar pe jos, astfel încât tiparele genetice nu reflectă, în mod obligatoriu, evenimente care s-au petrecut în apropierea locurilor unde trăiesc oamenii care au acest ADN. Dacă studiile din ultimii câţiva ani, referitoare la ADN-ul ancestral, au arătat cu limpezime ceva, atunci acest lucru este faptul că distribuţia geografică a oamenilor care trăiesc astăzi este deseori înşelătoare în privinţa locurilor în care au locuit strămoşii lor.

*

Cu toate acestea, se pot face legături plauzibile cu privire la originea geografică.

Dovezi ale încrucişării sunt detectate astăzi nu numai la europeni, dar şi la est-asiatici şi la papuaşii din Noua Guinee. Europa reprezintă un fel de fundătură a circulaţiei din Eurasia, şi nu ar fi reprezentat un posibil punct de ocol pentru oamenii moderni care se extindeau către est. Şi atunci, unde s-ar fi putut întâlni şi încrucişa Neanderthalienii şi oamenii moderni, în asa fel încât să dea naştere unei populaţii care să se fi răspândit apoi atât în Europa, cât şi în estul Asiei şi în Noua Guinee? Arheologii au arătat modul în care, în Orientul Apropiat, Neanderthalienii si oamenii moderni au făcut schimb de locuri ca populaţie dominantă, cel puţin de două ori, în perioada cuprinsă între acum 130 000 şi 50 000 de ani şi este rezonabil să presupunem că ei s-ar fi putut întâlni în decursul acestei perioade. Astfel, încrucişarea în Orientul Apropiat oferă o explicaţie plauzibilă a moştenirii Neander-thaliene împărtăşită atât

de europeni, cât şi de est-asiatici.

A avut loc, oare, vreo încrucişare în Europa? în 2014, echipa lui Pääbo a secvenţiat ADN-ul dintr-un schelet din Peştera cu Oase, România, acelaşi schelet pe care Erik Trinkaus l-a interpretat ca fiind un hibrid de Neanderthalian cu oamenii moderni, bazându-se pe trăsăturile craniului, care erau asemănătoare cu ale ambilor.[28] Analiza noastră a arătat că individul din Peştera cu Oase, în cazul cărora studiile de datare cu radiocarbon au indicat că ar fi trăit cu aproximativ 40 000 de ani în urmă, avea în jur de 6 – 9% origine Neanderthaliană, cu mult mai mult decât cei aproximativ 2% pe care îi întâlnim la non-africanii din ziua de astăzi.[29] Unele fragmente de ADN Neanderthalian depăşeau o treime din lungimea cromozomilor săi – un lanţ atât de lung şi neîntrerupt de recombinaţi!, încât putem fi siguri că individul din Peştera cu Oase a avut un Neanderthalian adevărat, cu nu mai mult de şase generaţii în urmă, în arborele său genealogic. Contaminarea nu poate explica aceste descoperiri, căci ar fi trebuit să dilueze moştenirea

Neanderthaliană a individului din Peştera cu Oase, nu să o amplifice. Ar fi creat, de asemenea, potriviri la întâmplare cu Neanderthalienii în întregul genom, iar nu segmente lungi de ADN Neanderthalian care au putut fi rapid identificate cu ochiul liber, atunci când s-au plasat grafic, în lungul genomului, poziţiile mutaţiilor care se potrivesc cu secvenţa genomică Neanderthaliană, mai îndeaproape decât se

potrivesc cu cele umane moderne. Aceste dovezi ale încrucişării cu Neanderthalienii nu au avut nevoie de analiză statistică. Dovada era în imagine.

Descoperirile despre încrucişările din arborele genealogic recent al individului din Peştera cu Oase sugerează că oamenii moderni şi Neanderthalienii sau hibridizat şi în Europa, locul de baştină al Neanderthalienilor. Dar populaţia din care face parte individual din Peştera cu Oase – şi care a purtat această dovadă clară a hibridizării cu Neanderthalienii europeni – este posibil să nu fi lăsat niciun fel de urmaşi printre oamenii care trăiesc astăzi. Atunci când am analizat genomul de la Peştera cu Oase, nu am găsit dovezi că acest individ ar fi fost mai îndeaproape înrudit cu europenii decât cu est- asiaticii. Asta înseamnă că, probabil, a făcut parte dintr-o populaţie considerată o fundătură evolutivă – o populaţie de oameni moderni care au ajuns timpuriu în Europa, a înflorit acolo, pentru o scurtă perioadă, s-a încrucişat cu Neanderthalienii, iar apoi a dispărut. Astfel, în timp ce individul din Peştera cu Oase a oferit o dovadă puternică a faptului că au avut loc hibridizări între Neanderthalieni si oamenii moderni în Europa, nu oferă nicio dovadă că moştenirea Neanderthaliană a non-africanilor de

[1]

astăzi ar fi provenit de la Neanderthalienii europeni. Rămâne ideea că cea mai probabilă sursă de moştenire Neanderthaliană prezentă la non-africani este reprezentată de Neanderthalienii din Orientul Apropiat.

Descoperirea că individul din Peştera cu Oase era reprezentantul unei populaţii care a dispărut se potriveşte cu datele arheologice referitoare la primii oameni moderni din Europa. Uneltele de piatră pe care le confecţionau aceşti oameni aveau o varietate de stiluri, dar ca şi populaţia individului din Peştera cu Oase, multe dintre ele reprezentau o fundătură, în sensul că au dispărut din înregistrările arheologice după câteva mii de ani. Totuşi, stil numit proto- aurignacian – care se crede că a provenit din stilul mai timpuriu Ahmarian, din Orientul Apropiat – a persistat şi după perioada de acum 39 000 de ani şi se pare că s-a dezvoltat în stilul aurignacian, prima cultură larg răspândită din Europa.[30] Aceste tipare ar putea fi explicate dacă producătorii uneltelor aurignaciene ar fi provenit dintr-o migraţie diferită în Europa, comparativ cu alţi oameni moderni timpurii, precum cei din Peştera cu Oase. Scenariul ar putea explica modul în care populaţia din Peştera cu Oase s-a încrucişat într-o bună măsură cu Neanderthalienii europeni, şi totuşi moştenirea Neanderthaliană a europenilor de astăzi nu provine din Europa.

## DOUĂ GRUPURI LA LIMITA COMPATIBILITĂŢII

Fertilitatea scăzută a hibrizilor este posibil, de asemenea, să fi redus moştenirea Neanderthaliană din ADN-ul oamenilor care trăiesc astăzi. Această idee a fost lansată prima dată de Laurent Excoffier, care ştia din studii pe animale şi plante că, atunci când o

populaţie se mută într-o regiune ocupată de o altă populaţie, cu care se poate încrucişa, chiar şi o rată scăzută de încrucişare este suficientă pentru a produce proporţii mari de amestec la descendenţi – cu mult mai mult decât acel aproximativ 2% moştenire Neanderthaliană găsită la non-africanii de astăzi. Excoffier a susţinut că singurul mod în care genomul oamenilor moderni putea să reţină atât de puţin ADN Neanderthalian este dacă oamenii moderni, în expansiune, s-au încrucişat de cel puţin 50 de ori mai mult cu oamenii moderni decât cu Neanderthalienii care trăiau în preajma lor.[31] El a considerat că explicaţia cea mai plauzibilă pentru acest fapt era aceea că descendenţii Neanderthalienilor cu oamenii moderni erau mult mai puţin fertili decât cei produşi din împerecherea oamenilor moderni între ei.

Această explicaţie nu m-a convins. Mai degrabă decât o fertilitate redusă a hibrizilor, susţineam ideea conform căreia nu a existat prea multă hibridizare din motive sociale. Chiar şi astăzi, multe grupuri de oameni moderni se încrucişează, în mare parte, doar între ei, din cauza barierelor culturale, religioase sau de castă. De ce ar fi fost diferite lucrurile pentru oamenii moderni si Neanderthalieni atunci când s-au întâlnit?

Dar Excoffier a avut dreptate într-o anumită privinţă. Acest lucru a devenit evident atunci când noi şi alţi cercetători am analizat fragmentele de ADN Neanderthalian care a pătruns în populaţia umană modernă şi le-am cartografiat în genom. Pentru asta, Sriram Sankararaman, din cadrul laboratorului meu,

a căutat mutaţiile care erau prezente în ADN-ul Neanderthalian secvenţiat, dar care erau rare sau absente la africanii subsaharieni. Studiind fragmentele cu astfel de mutaţii, am putut să găsim o fracţiune substanţială a tuturor acestor fragmente de origine Neanderthaliană în fiecare genom nonafrican. Uitându-ne unde anume apar aceste fragmente de origine Neanderthaliană, a devenit limpede că impactul amestecului cu Neanderthalienii a variat dramatic în cadrul genomului non-africanilor de astăzi. Proporţia medie de moştenire Neanderthaliană la populaţia non- africană este de aproximativ 2%, dar nu este răspândită uniform. în mai mult de jumătate din genom, nu s-a putut detecta nicio urmă de fragment ADN Neanderthalian. Dar în unele locuri neobişnuite din genom, mai mult de 50% din secvenţele ADN aparţin Neanderthalienilor.[32]

Un indiciu important, care ne-a ajutat să înţelegem cum s-a croit acest tipar, a provenit din studierea locurilor din genomul non-africanilor în care urmele Neanderthaliene sunt rare. în oricare fragment de ADN, o absenţă a urmelor de ADN Neanderthalian, în cadrul unei populaţii, poate să se datoreze întâmplării, aşa cum credem că se întâmplă în cazul ADN-ului mitocondrial. Totuşi, este puţin probabil ca un subset substanţial al genomului, cu funcţii biologice particulare, să fi lipsit sistematic din ascendenţa Neanderthaliană, cu excepţia cazului în care selecţia naturală a intervenit în mod sistematic pentru a-l înlătura.

Dar dovada unei înlăturări sistematice a

moştenirii Neanderthaliene este exact ceea ce am găsit – şi, în mod remarcabil, am observat o eliminare intensă a moştenirii Neanderthaliene, prin selecţie naturală, în două părţi ale genomului cunoscute a fi importante pentru fertilitatea hibrizilor.

Primul loc cu o moştenire Neanderthaliană redusă a fost pe cromozomul X, unul din cei doi cromozomi ai sexului. Acest lucru mi-a amintit de un tipar peste care eu si Nick Patterson am dat în munca noastră de separare a strămoşilor omului şi ai cimpanzeilor, într-un studiu pe care l-am realizat împreună şi l-am publicat cu mulţi ani înainte.[33] Există doar trei copii ale cromozomului X în oricare populaţie pentru fiecare alţi patru cromozomi (deoarece femelele au doi cromozomi X, iar masculii, numai unul, comparativ cu câte două copii, pentru fiecare dintre ceilalţi cromozomi, la fiecare dintre cele două sexe). Asta înseamnă că, în fiecare generaţie, probabilitatea ca oricare doi cromozomi X să împărtăşească un părinte comun este de patru treimi din probabilitatea ca oricare alti doi cromozomi de acelaşi fel să aibă un părinte comun. Rezultă că timpul de când oricare pereche de secvenţe ale cromozomului X a descins dintr-o secvenţă ancestrală comună este de

J

aproximativ patru treimi din cel pentru restul genomului. De fapt însă, datele reale sugerează o valoare care este de aproximativ jumătate, dacă nu chiar mai mică.[34] în studiul nostru privind populaţia ancestrală comună oamenilor şi cimpanzeilor, nu am putut să identificăm nicio modalitate prin care să

explicăm acest tipar, cum ar fi fost un număr mai scăzut de femele care să se mişte între grupuri, comparativ cu masculii, sau o mai mare variabilitate a descendenţilor femele în comparaţie cu descendenţii masculi, sau expansiunea or reducerea populaţiei. Totuşi, aceste tipare puteau fi explicate de un scenariu în care strămoşii oamenilor si ai cimpanzeilor, iniţial separaţi, s-au reunit pentru a forma fie strămoşii cimpanzeilor, fie pe cei ai oamenilor, înainte de separarea finală a celor două genealogii.

Cum este posibil ca hibridizarea să conducă la o variaţie mult mai mică a cromozomului X decât a restului genomului? Din studiile întreprinse pe numeroase specii animale, se cunoaşte faptul că, atunci când două populaţii sunt separate suficient de mult timp, descendenţii hibrizi au o fertilitate redusă. La mamifere cum suntem noi, reducerea fertilităţii este mult mai răspândită la masculi decât la femele, iar factorii genetici care contribuie la această reducere sunt concentraţi pe cromozomul X.[35] Astfel, atunci când două populaţii sunt într-atât de separate, încât descendenţii lor prezintă o fertilitate redusă, dar totuşi se încrucişează şi produc hibrizi, este de aşteptat să existe o intensă selecţie naturală de îndepărtare a factorilor care contribuie la reducerea fertilităţii. Acest proces se va manifesta mai ales la nivelul cromozomului X, din cauza concentraţiei sale în gene care contribuie la infertilitate. Prin urmare, selecţia naturală asupra cromozomului X se va exercita mai ales asupra acelor fragmente de ADN care

provin de la populaţia care a contribuit cel mai mult la moştenirea populaţiei hibride. Această selecţie va determina ca populaţia hibridă să aibă cromozomul X provenit, aproape în întregime, din populaţia majoritară, ceea ce conduce la o divergenţă genetică anormal de scăzută a cromozomului X între populaţia hibridă şi una dintre populaţiile care au participat la hibridizare, tipar confirmat în studiile efectuate pe oameni şi cimpanzei.

Această predicţie teoretică poate părea fantezistă, dar apare, în realitate, în cazul hibridărilor dintre şoarecii de casă vest-europeni şi cei est-europeni. Hibrizii rezultaţi sunt dispuşi într-o fâşie teritorială cu direcţia de la nord spre sud, care trece prin Europa Centrală şi care se suprapune, în mare parte, peste linia Cortinei de Fier a Războiului Rece. în timp ce densitatea mutaţiilor care deosebesc şoarecii hibrizi de şoarecii din vestul Europei este crescută în cea mai mare parte a genomului, deoarece şoarecii hibrizi nu poartă numai ADN provenit de la şoarecii vest-europeni, ci şi de la şoarecii est-europeni, foarte diferiţi genetic, densitatea cromozomului X este mult mai mică, pentru că şoarecii hibrizi deţin foarte puţin ADN provenit de la populaţia est-europeană, despre ai cărei cromozomi X se ştie că produc infertilitatea hibrizilor masculi.[36]

De la momentul publicării lucrării noastre, în 2006, care sugera că fie oamenii, fie cimpanzeii pot să provină dintr-o hibridizare străveche majoră, dovezile în favoarea existentei unei hibridizări majore în

descendenţa oamenilor şi a cimpanzeilor au devenit şi mai puternice. în 2012, Mikkel Schierup, Thomas Mailund şi colegii lor au dezvoltat o nouă metodă pentru a estima, din informaţiile genetice, durata redusă de timp în care s-a produs separarea strămoşilor acestor două specii de astăzi, bazându-se pe principii asemănătoare abordării lui Li şi Durbin, descrise în capitolul unu.[37] Când au aplicat metoda pentru a determina data separării cimpanzeilor comuni de verii lor îndepărtaţi, cimpanzeii bonobo, ei au găsit dovezi că separarea a fost foarte bruscă, fapt care se potriveşte cu ipoteza că cele două specii au fost separate de un fluviu imens (Congo), care a apărut destul de brusc, acum 1 000 000 sau 2 000 000 de ani. Din contră, atunci când au aplicat metoda pentru a studia oamenii şi cimpanzeii, ei au găsit dovezi ale unei perioade îndelungate de schimburi genetice după momentul începerii diferenţierii populaţiilor, lucru de aşteptat în cazul hibridizării.[38]

O dovadă chiar şi mai importantă a provenit dintr-o lucrare pe care au publicat-o Schierup şi Mailund, în 2015, şi în care au arătat, împreună cu colegii lor, că regiunile de pe cromozomul X care sunt golite de amestecul cu ADN Neanderthalian, la indivizii non-africani, sunt în mare măsură aceleaşi regiuni la care este prezentă o divergenţă genetică scăzută între oameni şi cimpanzei.[39] Acest lucru ar fi de aşteptat dacă mutaţiile care contribuie la reducerea fertilităţii, atunci când apar la indivizii hibrizi, nu numai că tind să se concentreze pe cromozomul X, ci chiar

în anumite regiuni specifice ale cromozomului X, ducând la eliminarea moştenirii minoritare din populaţie, prin selecţia naturală exercitată împotriva hibrizilor masculi care o poartă. Dovada că selecţia naturală a favorizat eliminarea ADN-ului de Neanderthalian din cromozomul X a fost un semn clar al faptului că masculii hibrizi aveau o fertilitate redusă.

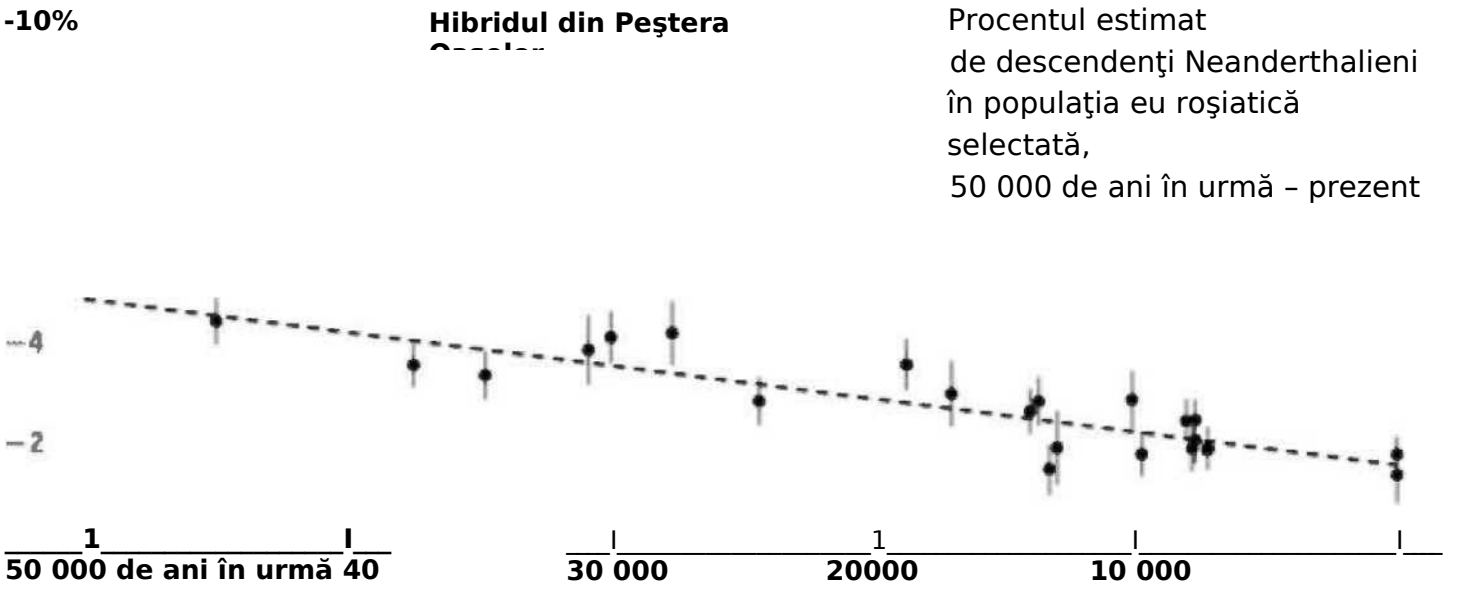



**Figura 9.** *Moştenirea Neanderthaliană a fost înlăturată de-a lungul timpului prin selecţie naturală.*

Am mai găsit o a doua categorie de dovezi legate de infertilitatea hibrizilor de Neanderthalieni cu oamenii moderni – o categorie care nu are nimic de a face cu cromozomul X. Atunci când se observă reducerea fertilităţii la hibrizii masculi, genele răspunzătoare au tendinţa de a fi foarte active în ţesutul reproducător al acestor masculi, producând disfuncţionalităţi ale spermei. Astfel, o predicţie a ipotezei infertilităţii hibrizilor masculi, care mi-a fost sugerată de biologul evoluţionist Daven Presgraves, după ce i-am arătat dovezile de la nivelul cromozomului X, este că genele care sunt deosebit de active la nivelul spermatozoizilor din testiculele unui bărbat vor avea, în medie, mai puţină moştenire Neanderthaliană, decât genele deosebit de active în alte ţesuturi ale corpului. Când am studiat datele reale, predicţia lui Presgraves a fost precis confirmată.[40]

Problemele cu care s-au confruntat oamenii moderni cu descendenţă Neanderthaliană au depăşit fertilitatea redusă, dovedindu-se că moştenirea Neanderthaliană nu este redusă numai la nivelul cromozomului X şi al genelor importante pentru reproducerea masculină, dar este redusă şi la nivelul majorităţii genelor (există mult mai mult ADN

Neanderthalian în porţiunile „deşeu”, noncodificatoare, ale genomului, care au puţine funcţii biologice). Cea mai evidentă dovadă a venit de la un studiu din 2016, în care am publicat un set de date despre ADN-ul ancestral la nivel de genom, provenite de la peste 50 de eurasiatici răspândiţi în ultimele 45 000 de ani.[41] Am arătat că moştenirea Neanderthaliană a scăzut în mod continuu de la 3 – 6%, în majoritatea probelor analizate din perioada anterioară, până la valoarea sa de astăzi, de circa 2%, si că această scădere a fost determinată de o selecţie naturală, larg răspândită, orientată împotriva ADN- ului Neanderthalian.

O mare parte a Neanderthalienilor erau răspândiţi în zona în care epocile de gheaţă au provocat afectări periodice semnificative ale populaţiilor de plante şi animale de care depindeau Neanderthalienii, situaţie cu care, cel mai probabil, strămoşii oamenilor moderni care trăiau în Africa tropicală nu s-au confruntat în aceeaşi măsură. Există confirmări genetice cu privire la dimensiunile mai reduse ale populaţiilor de Neanderthalieni comparativ cu cele ale oamenilor moderni, probate prin faptul că diversitatea genomurilor lor era de aproximativ patru ori mai redusă. Situaţia unui efectiv mic este problematică pentru sănătatea genetică a unei populaţii, deoarece fluctuaţiile frecvenţei mutaţiilor, care apar în fiecare generaţie, sunt suficient de mari pentru a permite unor mutaţii să se răspândească în populaţie, chiar împotriva tendinţei dominante a selecţiei naturale, care încearcă să le reducă frecvenţa.[42] Astfel, în jumătate de milion de ani de când Neanderthalienii s-au separat de oamenii

moderni, genomurile Neanderthalienilor au acumulat mutaţii care s-ar fi putut dovedi dăunătoare atunci când, mai târziu, a apărut hibridizarea dintre Neanderthalieni si oamenii moderni.

Mutaţiile problematice din genomul Neanderthalian sunt într-un contrast puternic cu amestecurile mai recente ale populaţiilor diferite de oameni moderni, unde nu apar dovezi ale unor astfel de efecte. De exemplu, în rândul afro-americanilor, în urma unor studii efectuate pe aproximativ 30 000 de indivizi, nu am găsit nicio dovadă a acţiunii selecţiei naturale împotriva moştenirii africane sau a celei europene.[43] O explicaţie pentru acest fapt este aceea că atunci când Neanderthalienii si oamenii moderni s-au amestecat, ei fuseseră separaţi pentru o perioadă de zece ori mai mare decât cea care a separat vest-africanii de europeni, dând mult mai mult timp incompatibilităţilor biologice să se dezvolte. 0 a doua explicaţie derivă din studii asupra multor specii, în care s-a observat că, atunci când apare infertilitatea între populaţii, aceasta este adesea datorată interacţiunilor dintre două gene situate în părţi diferite ale genomului. Fiind nevoie de două modificări pentru producerea unei astfel de incompatibilităţi, rata infertilităţii creşte cu pătratul timpului de separare a populaţiei, astfel încât un timp de separare de zece ori mai mare se traduce printr-o incompatibilitate genetică de 100 de ori mai accentuată. Având în vedere acest lucru, lipsa infertilităţii la hibrizii oamenilor moderni din ziua de

astăzi nu mai pare a fi atât de surprinzătoare.

## TEZĂ, ANTITEZĂ, SINTEZĂ

Un element important al filozofiei Europei continentale, începând cu secolul al XVIII-lea, a fost convingerea că marşul ideilor se desfăşoară în mod „dialectic”: ciocnirea perspectivelor opuse, care conduce la o sinteză.[44] Dialectica începe cu o „teză” urmată de o „antiteză”. Progresul este realizat în urma unei rezoluţii sau a unei „sinteze”, care transcende dezbaterea bilaterală care l-a generat.

Astfel s-a petrecut şi cu înţelegerea originii oamenilor moderni. Vreme îndelungată, mulţi antropologi au susţinut multiregionalismul, teoria conform căreia oamenii moderni din oricare loc din lume descind, în mod substanţial, din oamenii arhaici care au trăit în aceeaşi regiune geografică. Astfel, se considera că europenii îşi datorează mare parte a moştenirii de la Neanderthalieni, est-asiaticii, de la oameni care s-au răspândit în estul Eurasiei, cu mai mult de 1 000 000 de ani în urmă, iar africanii, de la tipurile africane arhaice. Diferenţele biologice dintre populaţiile umane moderne ar fi avut, atunci, origini extrem de adânci.

Multiregionalismul şi-a întâlnit curând antiteza, teoria „afară din Africa”. Conform acestei teorii, oamenii moderni nu au evoluat în fiecare locaţie din lume, în mod separat, din formele locale arhaice. în schimb, oamenii moderni de pretutindeni provin dintr-o migraţie relativ recentă „afară din Africa” şi din Orientul Apropiat, care a început cu

aproximativ 50 000 de ani în urmă. Datele recente referitoare la „Eva mitocondrială”, comparate cu divergenţa profundă a ADN-ului mitocondrial Neanderthalian, oferă unele dintre cele mai bune dovezi în favoarea acestei teorii. în opoziţie cu ipoteza multiregionalismului, teoria „afară din Africa” accentuează originea recentă a diferenţelor dintre populaţiile umane de astăzi, comparativ cu vârsta de mai multe milioane de ani a probelor de schelet uman.

Şi totuşi, nici argumentul teoriei „afară din Africa” nu este pe deplin corect. Astăzi deţinem o sinteză determinată de descoperirea fluxului de gene dintre Neanderthalieni şi oamenii moderni, bazată pe ADN- ul ancestral. Aceasta susţine o teorie de tip „ afară din Africa, în cea mai mare parte” şi relevă, de asemenea, ceva profund legat de cultura acelor oameni moderni care trebuie să-i fi cunoscut în mod intim pe Neanderthalieni. în timp ce, din datele genetice, este limpede că oamenii moderni din afara Africii descind din expansiunea unui grup de origine africană, care s-a răspândit în întreaga lume, mai ştim şi că au avut loc unele încrucişări. Acest lucru trebuie să ne facă să

gândim diferit despre strămoşii noştri şi despre oamenii arhaici pe care i-au întâlnit. Neanderthalienii erau mult mai asemănători cu noi decât ne-am imaginat, fiind probabil capabili de multe comportamente pe care, în mod obişnuit, le asociem oamenilor moderni. Trebuie să fi existat schimburi culturale care au însotit acest amestec -

[3]

romanele lui William Golding şi Jean Auel au avut dreptate să dramatizeze aceste întâlniri. Ştim, de asemenea, că a existat o moştenire biologică transmisă de Neanderthalieni non-africanilor, inclusiv genele care au permis adaptarea la diferite medii eurasiatice, un subiect la care voi reveni în capitolul următor.

La încheierea proiectului genomului Neanderthalian sunt încă uimit de surprizele întâlnite. După ce am găsit primele dovezi ale încrucişării dintre Neanderthalieni si oamenii moderni, continui să am coşmaruri cum că această descoperire este un fel de eroare. Dar datele sunt teribil de consistente: dovezi ale încrucişării cu Neanderthalienii încep să îşi facă simţită prezenţa peste tot. Pe măsură ce ne continuăm lucrul în domeniul geneticii, întâlnim din ce în ce mai multe tipare care reflectă extraordinarul impact al acestei încrucişări asupra genomului oamenilor care trăiesc astăzi.

Astfel, analiza genetică ne-a forţat mâna. în loc să confirme aşteptările oamenilor de ştiinţă, a produs surprize. Acum ştim că populaţiile hibride, rezultate din încrucişarea Neanderthalienilor cu oamenii moderni, au trăit în Europa şi în lungul Eurasiei şi că, în timp ce multe populaţii hibride au murit la un

moment dat, unele au supravieţuit şi au dat naştere unui mare număr de oameni din prezent. Astăzi cunoaştem, cu aproximaţie, când anume s-au separat genealogiile Neanderthalienilor de cele ale oamenilor moderni. Ştim, de asemenea, că atunci când aceste genealogii s-au reîntâlnit, evoluaseră într-o asemenea măsură, încât se aflau la limita compatibilităţii biologice. Acest fapt ridică o întrebare: Au fost oare Neanderthalienii singurii oameni arhaici care s-au încrucişat cu strămoşii noştri? Sau au existat şi alte încrucişări[*] majore în trecutul nostru?[3]

# O varietate de linii umane

1 400 000 – 900 000 de ani În urma
Principala populaţie ancestrala de oameni moderni. Neanderthalieni. şi denisovani se separă de liniile super-arhaice.

770 000 – 550 000 de ani În urma
Estimarea genetică a separării populaţionale între Neanderthalieni şi oamenii moderni

700 OOO – 50 000 de ani în urma
.Hobi ţii’continuă să locuiască în

1 500 000 de am în

Liniile de ADN mitocondrial ale
şi ale indivizilor din Sima de los Huesos se separă de cele ale Neanderthalienilor si oamenilor

470 000 – 380 000 de ani în urma Estimarea genetică a separării populaţiei de Neanderthalieni de cea de

-430 000 de ani în urma
Scheletele din Sima de los Huesos si ADN-ul lor arată că lima Neanderthalienilor evolua deja în Europa.

54 000 – 48 000 de ani în urmâ
Neanderthalienii şi oamenii moderni se

200 000 de am în urmă 100 000 Prezent

400 000 – 270 000 de ani în urmâ Descendenţa denisovanilor siberieni se separă de cea a australo-denisovanilor

49000 – 44 000 de ani În urmâ
Denisovanii şi oamenii moderni se încrucişează.

470 000 – 360 000 de ani în urma
Data estimată la care liniile de ADN mitocondrial Neanderthalian se separă de cele ale oamenilor moderni

500 000 de am în urma – prezent

# CAPITOLUL 3

# ADN-UL ANCESTRAL DESCHIDE ZĂGAZURILE

## O SURPRIZĂ VENITĂ DIN EST

În 2008, arheologii ruşi au găsit un os de la degetul mic în peştera Denisova din munţii Altai, din sudul Siberiei, numită astfel după pustnicul rus Denis care a trăit acolo în secolul al XVIII-lea. Cartilajele de creştere ale osului nu erau închise, fapt care arăta că osul provine de la un copil. Vârsta osului nu era bine stabilită, deoarece era prea mic pentru a fi datat cu radiocarbon şi fusese găsit într-un strat de pământ amestecat, care cuprindea artefacte aparţinând atât unei perioade mai recente de 30 000 de ani, cât şi uneia mai veche de 50 000 de ani. Conducătorul săpăturilor, Anatoly Derevianko, a considerat că posesorul degetului ar fi putut să fie un om modern şi proba a fost etichetată ca atare. Oare ar fi fost posibil ca posesorul osului să fi fost un Neanderthalian, ţinând cont de faptul că au fost găsite rămăşiţe Neanderthaliene în apropierea peştii? [1] Derevianko a trimis o parte din os lui Svante Pääbo, în Germania.

Echipa lui Pääbo, condusă de Johannes Krause, a reuşit cu succes să extragă ADN mitocondrial din osul din peştera Denisova.[2]

Secvenţa sa era de un tip care nu mai fusese întâlnit niciodată înainte, la peste 10 000 de oameni moderni şi 7 probe de Neanderthalieni. Există în jur de 200 de diferenţe mutaţionale care separă ADN-ul mitocondrial al oamenilor de astăzi de cel al Neanderthalienilor. Noul ADN mitocondrial din degetul de la Denisova prezenta în jur de 400 de diferenţe, atât faţă de ADN- ul mitocondrial al oamenilor moderni de astăzi, cât şi faţă de cel al Neanderthalienilor. Bazându-ne pe rata cu care se acumulează mutaţiile, secvenţele de ADN mitocondrial de la oamenii moderni de astăzi si [3] Neanderthalieni se estimează că s-au separat acum circa 470 000 – 360 000 de ani.[3] Numărul de diferenţe mutaţionale găsite în ADN-ul mitocondrial provenit din osul de la Denisova sugerează o separare care ar fi avut loc acum aproximativ 800 000 – 1 000 000 de ani, lucru care sugerează că osul respectiv ar putea să aparţină unui membru al unui grup uman arhaic nemaiîntâlnit până acum.[4]

Identitatea acestei populaţii era totuşi neclară. Nu s-au găsit schelete sau unelte care să ne ofere vreun reper, aşa cum s-a întâmplat în cazul Neanderthalienilor. în cazul Neander-thalienilor, descoperirile arheologice au fost cele care au motivat secvenţierea genomului. în cazul acestui nou grup arhaic, datele genetice au apărut primele.

## UN GENOM ÎN CĂUTAREA UNEI FOSILE

Am aflat prima dată de această populaţie de

oameni arhaici, necunoscută anterior, la începutul anului 2010, în timpul unei vizite în laboratorul lui Svante Pääbo de la Leipzig, Germania. Eram acolo în cadrul uneia dintre cele trei călătorii anuale pe care le făceam de când mă alăturasem consorţiului ₃ înfiinţat de Pääbo, în 2007, pentru analizarea genomului Neanderthalian. într-o seară, Pääbo m-a invitat la o berărie şi mi-a spus despre noua secvenţă mitocondrială pe care o găsiseră. în mod miraculos, degetul de la Denisova s-a dovedit a fi una dintre cel mai bine conservate probele de ADN ancestral găsite vreodată. în timp ce Pääbo examinase zeci de probe de Neanderthalian pentru a găsi câteva cu un conţinut de până la 4% ADN de primate, acest os de deget avea aproximativ 70% ADN. Pääbo şi echipa sa fuseseră deja capabili să obţină mai multe date despre întregul genom (nu numai despre ADN-ul mitocondrial) din acest mic fragment de deget decât obţinuseră înainte din probele de Neanderthalieni. M-a întrebat dacă aş fi interesat să ajut la analizarea datelor. Invitaţia de a examina genomul denisovan a fost cel mai mare noroc din întreaga mea carieră ştiinţifică.

J J

Genomul mitocondrial sugera că falanga de deget din peştera Denisova provenea de la un individ care făcuse parte dintr-o populaţie umană care s-a separat de strămoşii oamenilor moderni si ai Neanderthalienilor, înainte ca aceştia din urmă să se fi separat între ei. Dar ADN-ul mitocondrial deţine numai informaţia întregii linii feminine, o mică fracţiune din multele zeci de mii de linii care au s
contribuit la genomul oricărei persoane. Pentru a înţelege ce s-a întâmplat cu adevărat

în istoria unui individ, este incomparabil mai valoros să examinezi toate liniile ancestrale împreună. în cazul degetului de la Denisova, întregul genom a ilustrat o imagine foarte diferită de ceea ce cuprindea ADN-ul mitocondrial.

Prima revelaţie, apărută în urma studierii întregului genom, a fost aceea că Neanderthalienii şi noii oameni din Denisova erau mai îndeaproape înrudiţi unii de ceilalţi decât era fiecare dintre ei cu oamenii moderni – un tipar diferit de ceea ce se observase în ADN-ul mitocondrial.[5] Am estimat, în cele din urmă, că separarea dintre populaţiile ancestrale ale Neanderthalienilor si denisovanilor a ,
avut loc acum 470 000 – 380 000 de ani, în timp ce separarea dintre populaţiile ancestrale comune ale acestor grupuri arhaice şi oamenii moderni a avut loc acum 770 000 – 550 000 de ani.[6] Tiparul diferit de înrudire evidenţiat de ADN-ul mitocondrial si
J З
consensul restului genomului nu a reprezentat neapărat o contradicţie, deoarece momentul din trecut când doi indivizi împărtăşesc un strămoş comun în orice secţiune a ADN-ului lor este întotdeauna cel puţin la fel de îndepărtat ca momentul la care strămoşii lor s-au separat în populaţii diferite, uneori putând fi cu mult mai îndepărtat. Cu toate acestea, prin studiul întregului genom putem afla când anume s-au separat populaţiile, recunoscând că întregul genom cuprinde o multitudine imensă de strămoşi, astfel că putem căuta fragmente scurte de genom cu o densitate relativ scăzută de

mutatii, ceea ce reflectă un strămos comun care a trăit chiar înainte de separarea populaţiilor. Observaţiile noastre au arătat că denisovanii erau veri cu Neanderthalienii, dar, în acelaşi timp, erau foarte diferiţi de aceştia, separându-se de strămoşii Neanderthalienilor înainte ca multe dintre trăsăturile Neanderthaliene să apară în probele fosile.

Am avut o dezbatere aprinsă în legătură cu denumirea noii populaţii şi am hotărât să folosim numele generic nelatinesc de „denisovani”, după numele peşterii în care a fost descoperit prima oară, în acelaşi fel în care Neanderthalienii sunt numiţi astfel după valea Neanderului, din Germania. Această decizie i-a deranjat pe unii colegi, care înclinau pentru un nume de nouă specie – probabil *Homo altaiensis,* după numele munţilor unde este localizată peştera Denisova. *Homo altaiensis* este acum folosit într-un muzeu din Novosibirsk, Rusia,
unde este descrisă descoperirea de la Denisova. Noi, geneticienii, totuşi am fost rezervaţi în a folosi un nume de specie. Au fost multe controverse dacă Neanderthalienii constituie o specie separată de oamenii moderni, unii experţi referindu-se la Neanderthalieni ca fiind o specie separată a genului *Homo (Homo Neanderthalensis),* iar alţii, ca un subgrup al oamenilor moderni *(Homo sapiens Neanderthalensis).* Desemnarea a două grupuri aflate în viaţă ca fiind specii distincte se bazează, adesea, pe presupunerea că cele două nu se încrucişează în practică.[7] Dar acum cunoaştem faptul că

Neanderthalienii s-au încrucişat cu succes cu oamenii moderni, în multiple ocazii, ceea ce subminează argumentul că ar fi specii distinctive. Datele noastre au arătat că denisovanii au fost veri cu Neanderthalienii şi astfel, dacă nu suntem siguri că Neanderthalienii ar fi o specie, atunci trebuie să păstrăm aceeaşi incertitudine şi cu privire la considerarea denisovanilor ca fiind o specie aparte. Decizia dacă populaţiile dispărute sunt suficient de distincte pentru a merita încadrarea în specii diferite se ia, în mod obişnuit, pe baza formei scheletelor, dar în cazul denisovanilor există foarte puţine rămăşiţe fizice, ceea ce reprezintă un motiv în plus pentru a fi prudenţi.

Cele câteva rămăşiţe pe care le avem sunt derutante. Derevianko şi colegii săi i-au trimis lui Pääbo o pereche de molari de la Denisova, care conţinea ADN mitocondrial strâns înrudit cu cel găsit în deget. Aceşti dinţi erau enormi, depăşind dimensiunile aproape ale tuturor dinţilor consideraţi a fi aparţinut genului *Homo.* Molarii de mari dimensiuni sunt consideraţi a fi o adaptare biologică la o dietă care include cantităţi mari de plante dure, nepregătite termic. înaintea denisovanilor, oamenii cei mai apropiaţi de noi, care era cunoscuţi ca având dinţi de o asemenea dimensiune, erau australopitecinele, care se hrăneau în principal cu plante, cum este faimoasa „Lucy”, al cărei schelet, datând de acum mai bine de 3 000 000 de ani, a fost găsit în valea Awash din Etiopia. „Lucy” nu folosea unelte şi avea un creier doar cu puţin mai mare decât cel al unui cimpanzeu, după

aplicarea corecţiei pentru dimensiunea mai redusă a corpului, dar avea mers biped. Astfel, puţinele informaţii scheletale pe care le avem confirmă ideea că denisovanii erau foarte diferiţi comparativ atât cu Neanderthalienii, cât si cu oamenii moderni.

## PRINCIPIUL HIBRIDIZĂRII

înarmaţi cu secvenţierea întregului genom, am testat dacă denisovanii erau mai îndeaproape înrudiţi cu unele populaţii umane actuale decât cu altele. Acest lucru a condus la o surpriză imensă.

Denisovanii erau, din punct de vedere genetic, puţin mai apropiaţi de papuaşii din Noua Guinee decât de oricare altă populaţie de pe continentul eurasiatic, sugerând că strămoşii papuaşilor s-au încrucişat cu denisovanii. Si totuşi, distanta dintre peştera Denisova şi Noua Guinee este de aproape 9 000 de kilometri, iar Noua Guinee este, desigur, o insulă, separată de continent. Climatul din Noua Guinee este, de asemenea, în cea mai mare parte, unul tropical, lucru cum nu se poate mai diferit de iernile năprasnice ale Siberiei, iar acest aspect face puţin probabil ca nişte oameni arhaici, care s-au adaptat unui mediu, să înflorească în altul.

Fiind sceptici cu privire la descoperirile noastre, am căutat să găsim explicaţii alternative. Era oare posibil ca strămoşii oamenilor moderni să se fi divizat în mai multe populaţii cu câteva sute de mii de ani în urmă, între care una să fi fost mai îndeaproape înrudită cu denisovanii şi să fi

contribuit mai mult la moştenirea populaţiei din Noua Guinee decât a contribuit la moştenirea celor mai multe dintre celelalte populaţiile umane de astăzi? Totuşi, acest scenariu ar sugera că afinitatea genetică a denisovanilor faţă de papuaşii actuali din Noua Guinee ar fi datorată unor segmente de ADN care au pătruns în descendenţa papuaşilor cu multe sute de mii de ani în urmă. în genomurile locuitorilor de astăzi ai Noii Guinee am putut măsura dimensiunea segmentelor arhaice intacte şi am găsit că cele înrudite cu denisovanii erau cu aproximativ 12% mai lungi decât cele înrudite cu Neanderthalienii, sugerând că segmentele de origine denisovană fuseseră introduse mult mai recent.[8]

De îndată ce populaţiile arhaice se amestecă cu cele moderne, segmentele de ADN provenite de la oamenii arhaici sunt fragmentate printr-un proces de recombinare, combinându-se cu cele ale oamenilor moderni cu o rată de una sau două îmbinări / cromozom / generaţie. Aşa cum am discutat în capitolul doi, lungimea segmentelor provenite de la Neanderthalieni corespunde unui amestec care s-a petrecut acum 44 000 – 49 000 de ani.[9] Considerând cu cât de mult mai lungi sunt segmentele denisovane faţă de cele Neander-thaliene, în genomul oamenilor din Noua Guinee, am putut concluziona că încrucişarea dintre denisovani si strămoşii papuaşilor a avut loc acum 59 000 – 44 000 de ani.[10]

Ce procent din genomul papuaşilor din Noua Guinee derivă din genomul

denisovanilor? Măsurând cât de puternice sunt dovezile genetice ale unei descendenţe arhaice în Noua Guinee, comparativ cu cele prezente la ceilalţi non-africani, am estimat că aproximativ 3 până la 6% din zestrea genetică a papuaşilor provine de la denisovani. O valoare cu mult peste cea de 2%, a moştenirii provenite de la Neanderthalieni. Astfel, per total, între 5 şi 8% din genomul papuaşilor provine de la oamenii arhaici. Aceasta este cea mai mare contribuţie, cunoscută până astăzi, a oamenilor arhaici la zestrea genetică a unei populaţii umane din prezent.

Descoperirea denisovanilor a dovedit că încrucişările dintre oamenii arhaici si cei moderni, din cursul migraţiei oamenilor moderni din Africa şi din Orientul Apropiat, nu erau un eveniment neobişnuit. Până acum, a fost secvenţiat ADN-ul de la două populaţii arhaice – Neanderthalienii şi denisovanii – şi, în ambele cazuri, datele au permis evidenţierea hibridizărilor dintre oamenii moderni si cei arhaici, necunoscute anterior. Nu aş fi surprins dacă ADN-ul de la următoarea nouă descoperire a unei populaţii arhaice ar evidenţia, de asemenea, şi alte hibridizări necunoscute înainte.

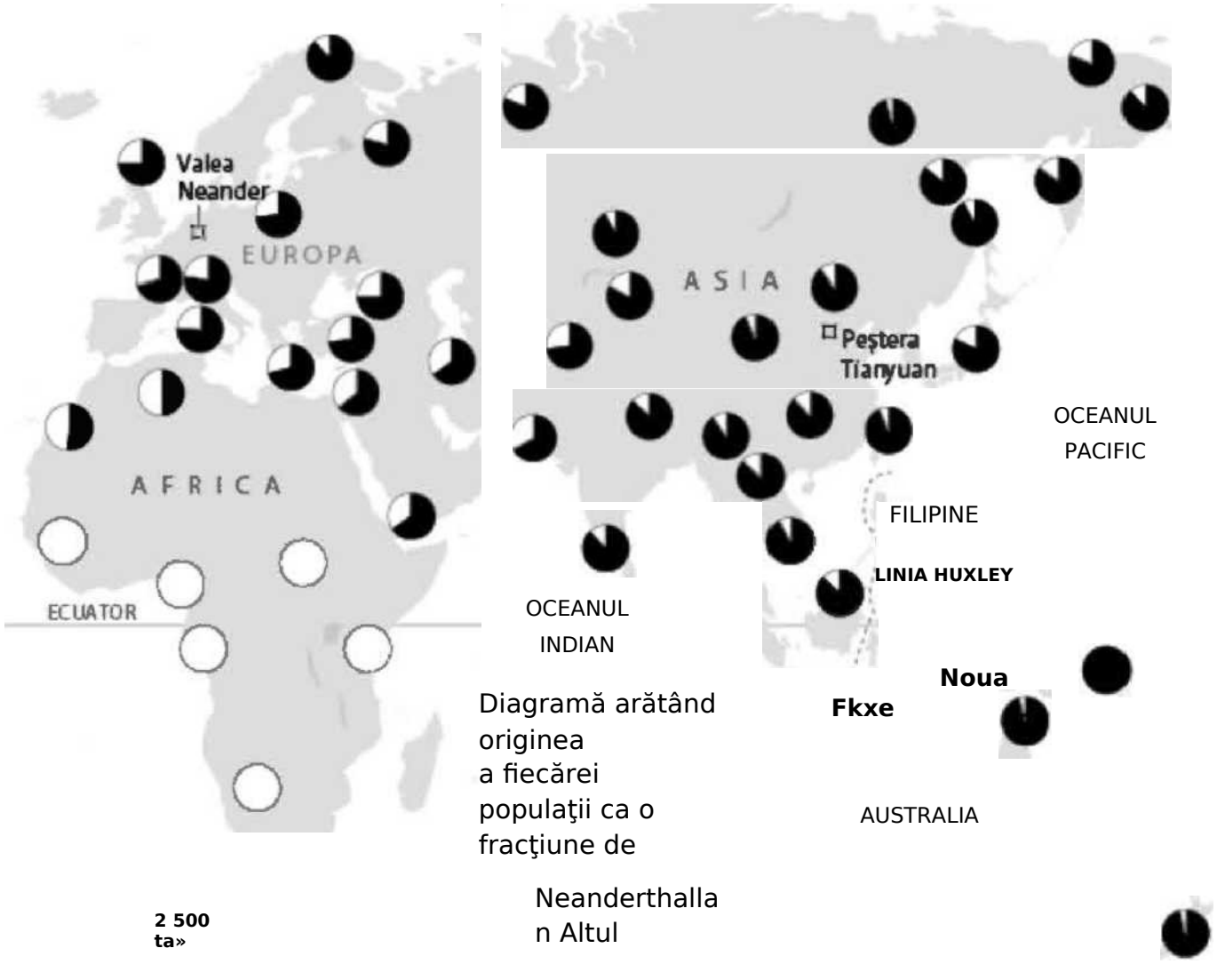
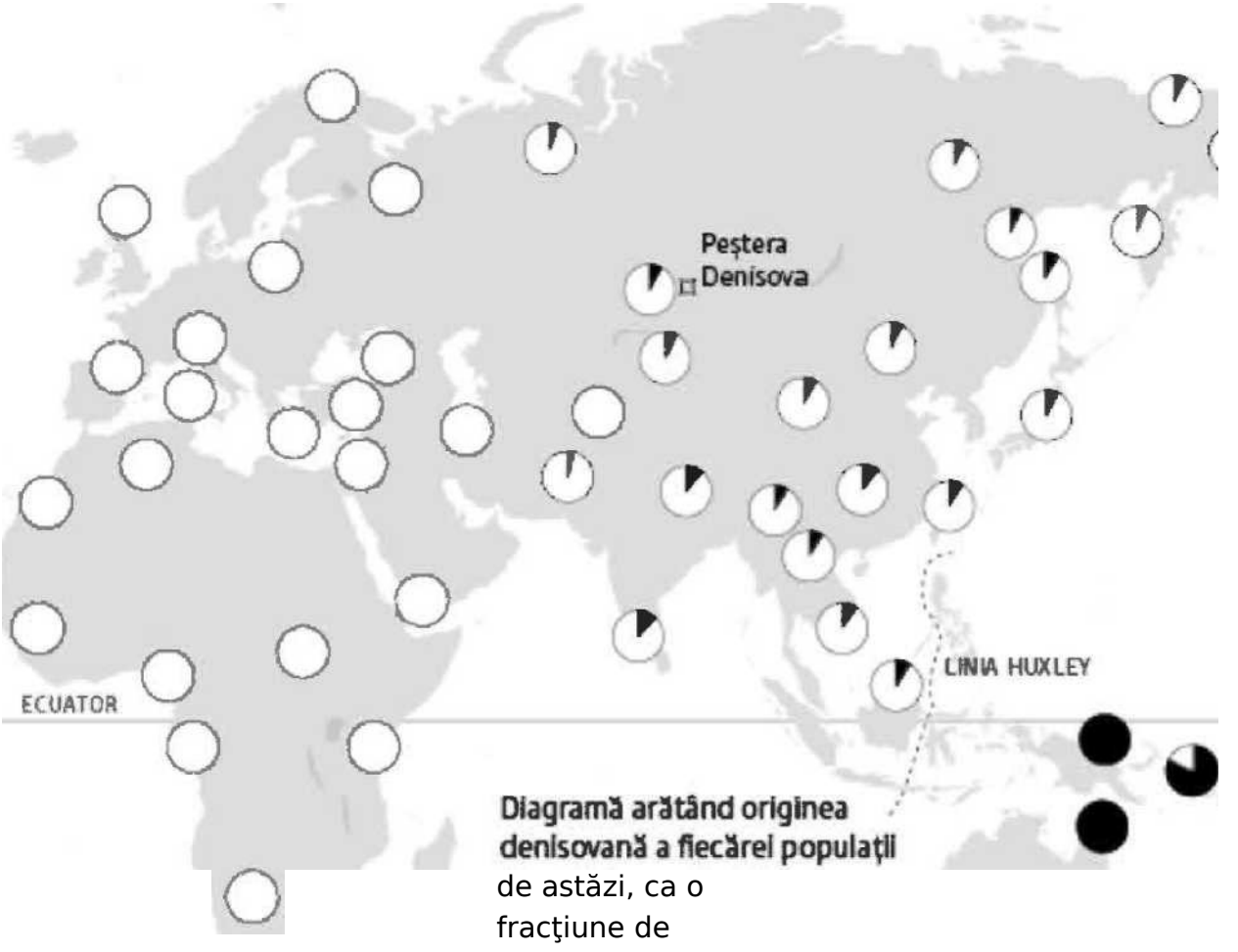



**Figura 10.** *Proporţiile aproximative de descendenţă Neanderthaliană (stânga) şi denisovană (dreapta) în populaţiile umane reprezentative din zilele noastre, ca o fracţiune din numărul maxim detectat în oricare grup de astăzi. În prezent, zestrea denisovană este concentrată în estul Liniei Huxley, o porţiune de ape de mare adâncime, care a separat întotdeauna continentul asiatic de Australia şi Noua Guinee, chiar şi în epocile glaciaţiilor, când nivelul mărilor era mai coborât.*

Proporţia de moştenire denisovană la oamenii de astăzi




Diagramă arătând originea denisovană a fiecărei populaţii de astăzi, ca o fracţiune de maximum 5%.

Denisova
n —- Altul

## ÎNCĂLCAREA LINIEI HUXLEY

Dată fiind distanta imensă dintre Siberia si Noua J J Guinee, unde anume ar fi avut loc încrucişarea dintre denisovani şi strămoşii papuaşilor?

Prima noastră presupunere a fost că încrucişarea sa întâmplat pe continentul asiatic, probabil în India sau în Asia Centrală, pe o cale de migraţie plauzibilă a oamenilor, din Africa până în Noua Guinee. Dacă aşa s-a întâmplat, lipsa unei moşteniri provenite de la denisovani în estul sau în sudul Asiei ar putea fi explicată prin valurile ulterioare de expansiune din partea oamenilor moderni, fără moştenire denisovană, care au înlocuit populaţiile cu moştenire denisovană. Faptul că aceste migraţii ulterioare nu au contribuit prea mult la ADN-ul papuaşilor de astăzi ar putea explica proporţia relativ mare de moştenire denisovană în populaţiile din Noua Guinee din prezent.

O primă privire asupra distribuţiei moştenirii denisovane la oamenii moderni din prezent părea să susţină această idee. Am colectat ADN de la oamenii de astăzi, din insulele din sud-vestul Pacificului, din estul Asiei, sudul Asiei si Australia si am estimat cât [7] J f de mult ADN de origine denisovană conţine. Cea mai mare cantitate de ADN de acest gen am identificat-o la populaţiile indigene din insulele de dincolo de sud-estul Asiei, în special în Filipine şi în insulele de foarte mari dimensiuni, Noua Guinee şi Australia (prin cuvântul „indigen” mă refer la persoanele

care erau stabilite în aceste locuri înaintea mişcărilor populaţionale asociate răspândirii agriculturii).[11] Aceste populaţii se găsesc, în mare parte, la est de Linia Huxley, o graniţă naturală care separă Noua Guinee, Australia şi Filipinele de părţile vestice ale

Indoneziei si ale teritoriului asiatic continental, t

Această linie a fost descrisă de naturalistul britanic Alfred Russel Wallace şi adaptată de contemporanul său, biologul Thomas Henry Huxley, pentru a sublinia diferentele dintre animalele care trăiesc de cele două părţi ale acestei linii care marchează, de exemplu, graniţa dintre mamiferele placentare din vest şi marsupialele din est. Ea corespunde zonelor foarte adânci ale oceanului care au reprezentat bariere geografice în calea trecerii animalelor şi plantelor, chiar şi în perioadele glaciaţiilor, când nivelul mării era cu până la 100 de metri mai scăzut. Este remarcabil faptul că oamenii moderni de acum 50 000 de ani au reuşit să treacă de această barieră. Aceşti pionieri au traversat bariera, dar probabil că a fost o acţiune dificilă. Oamenii moderni, cu moştenire genetică denisovană, care trăiau la est de Linia Huxley – strămoşii populaţiilor de papuaşi, australieni şi filipinezi pe care le-am găsit sunt grupurile cu cea mai mare proporţie de ADN denisovan de astăzi –, probabil că au fost protejaţi, de aceeaşi barieră, faţă de migraţiile ulterioare dinspre Asia, la fel ca animalele cu care împărţeau teritoriul.

Dar o privire mai atentă sugerează că

amestecul de populaţii în inima Asiei nu este o explicaţie atât de simplă precum ar putea să pară. Cu toate că unele populaţii situate în estul Liniei Huxley au cantităţi mari de moştenire denisovană, situaţia este foarte diferită în vest. Cel mai remarcabil este faptul că, indigenii vânător-culegători din Insula Andaman, de dincolo de coastele Indiei şi Sumatrei, ca şi indigenii vânător-culegători din Peninsula Malaiezã a Asiei de Sud-Est, descind din linii la fel de divergente ca şi indigenii din Noua Guinee şi Australia şi totuşi nu au multe urme ale moştenirii denisovane. Nu există, de asemenea, dovezi ale prezenţei unei moşteniri denisovane în datele oferite de întregul genom al omului din peştera Tianyuan, de lângă Beijing, China, vechi de aproximativ 40 000 de ani, care a fost secventiat câţiva ani mai târziu de Pääbo si cercetătorii din laboratorul său.[12] Dacă încrucişarea ar fi avut loc în interiorul continentului asiatic, iar oamenii moderni care deţineau o moştenire denisovană s-ar fi răspândit peste tot, multe populaţii din această regiune geografică, ca şi oamenii străvechi din estul Asiei, ar fi fost de aşteptat că deţină o încărcătură genetică denisovană asemănătoare celei întâlnite în Noua Guinee. Dar nu asta este ceea ce am observat.

Cea mai simplă explicaţie în legătură cu fracţiunile mari de moştenire de tip denisovan, în insulele din afara extremităţii sud-estice a Asiei si din Noua Guinee şi Australia, ar fi producerea

încrucişărilor undeva în apropierea insulelor – chiar pe insulele respective sau în teritoriul continental din sud-estul Asiei dar în orice caz într-o regiune tropicală, foarte îndepărtată de peştera Denisova. Cu toate acestea, antropologul Yousuke Kaifu a subliniat, într- o prezentare la care am participat şi eu în 2011, că ipoteza amestecului cu denisovani în apropierea insulelor este dificil de susţinut în lipsa artefactelor arheologice din regiune, care ar fi putut în mod plauzibil să reflecte prezenţa unor veri cu creiere mari ai Neanderthalienilor si ai oamenilor moderni.

*

Kaifu a subliniat că, în regiunea respectivă, până în prezent nu au fost descoperite schelete cu cranii mari din acea perioadă. Acest lucru mă face să mă gândesc că este mai posibil ca încrucişarea să se fi petrecut în sudul Chinei sau în sud-estul Asiei continentale. Există rămăşiţe de oameni arhaici în 3 3

Dali, provincia Shaanxi din China nord-centrală, în Jinniushan din Lia-oning, situat în partea nord-estică a Chinei şi în Maba, din Guangdong, sud-estul Chinei, toate datând de acum aproximativ 200 000 de ani. Aceste fragmente scheletice se potrivesc cu cele ale denisovanilor. Un om arhaic din Narmada, din centrul Indiei, datează de acum aproximativ 75 000 de ani. Regulamentele guvernamentale din China şi India complică exportul de material scheletic, dar sau înfiinţat acum, în China, laboratoare de primă clasă, specializate în studiul ADN-ului ancestral şi încep să fie înfiinţate şi în India. ADN-ul din aceste probe ar putea să aducă descoperiri extraordinare.

## SĂ FACEM CUNOŞTINŢĂ CU AUSTRALO-

## DENISOVANII

în timp ce Neanderthalienii care au participat la încrucişări erau rude apropiate cu cei de la care am obţinut probele pe care le-am secvenţiat, oamenii arhaici care s-au încrucişat cu strămoşii papuaşilor nu erau rude apropiate cu denisovanii din Siberia. Când am examinat genomurile oamenilor de astăzi din Noua Guinee si Australia si am calculat numărul diferentelor de litere ADN între ei si denisovanii siberieni, pentru a estima dacă strămoşii lor s-au separat dintr-o populaţie parentală comună, am descoperit că, peste tot în genom, numărul de diferenţe a fost cel puţin egal cu ceea ce ar fi de aşteptat de la o populaţie a cărei separare s-ar fi produs acum 400 000 – 280 000 de ani.[13] Asta însemna că strămoşii denisovanilor siberieni s-au separat de linia denisovană care a contribuit la moştenirea papuaşilor din Noua Guinee la două treimi de timp de momentul separării strămoşilor denisovani de cei ai Neanderthalienilor.

în lumina acestei relaţii îndepărtate, cele două grupuri au dobândit, probabil, adaptări diferite, care ar putea explica cum de au putut să reziste în climate atât de diferite. Dată fiind extraordinara diversitate a denisovanllor – cu o separare de mult mai lungă durată între populaţiile lor decât există între grupurile de oameni din prezent – este logic să ne gândim la ei ca fiind o categorie largă de oameni, dintre care o ramură a devenit strămoşul populaţiei arhaice care s-a

amestecat cu papuaşii şi o alta a dat naştere denisovanllor siberieni. Cel mai probabil că au mai existat şi alte populaţii denisovane pe care nu le-am descoperit încă. Poate că am putea chiar să considerăm Neanderthalienii ca fiind parte a acestei largi familii denisovane.

Nu am dat niciodată o denumire specială populaţiei înrudite cu denisovanii, care s-a încrucişat cu oamenii moderni care au migrat în insulele de dincolo de sud-estul Asiei, dar îmi place să-i numesc „australo-denisovani”, pentru a sublinia probabila lor distribuţie geografică sudică. Antropologul Chris Stringer preferă denumirea de „denisovani Sunda”, după masa de pământ care lega cele mai multe insule indoneziene de partea continentală sud-est asiatică.[14] Dar acesta nu ar fi un nume potrivit dacă încrucişarea s-a produs acolo unde se află, astăzi, Asia de Sud-Est continentală, China sau India.

Este tentant să gândim că australo-denisovanii, denisovanii şi Neanderthalienii descind din primele populaţii de *Homo erectus* care s-au răspândit în afara Africii şi că oamenii moderni provin din populaţiile de *Homo erectus* care au rămas în Africa, dar ar fi greşit. Cele mai vechi schelete de *Homo erectus* din afara Africii au fost găsite la Dmanisi, în Georgia, având o vârstă de aproximativ 1 800 000 de ani, şi în insula Java, din Indonezia, datând cam din aceeaşi perioadă. Dacă *Homo erectus* din prima radiaţie care a părăsit Africa era strămoşul denisovanilor şi Neanderthalienilor, atunci separarea acestor populaţii de oamenii

moderni ar trebui să fie cel puţin la fel de veche ca şi răspândirea în Eurasia – mult prea îndepărtată în timp pentru a se potrivi cu observaţiile genetice. Datele genetice sugerează o dată de separare plasată acum 770 000 – 550 000 de ani, prea recentă pentru a fi concordantă cu o separare de acum 1 800 000 de ani a populaţiei.

Există totuşi, printre probele fosile, un candidat la poziţia de strămoş din perioada potrivită, datând cu mult după migraţia lui *Homo erectus* afară din Africa, dar şi după migraţia lui *Homo sapiens.* Un schelet cu un craniu mare, găsit lângă Heidelberg, Germania, în 1907, şi datat ca având o vârstă de aproximativ 600 000 de ani[15], aparţinea, în mod credibil, unei specii de strămoşi ai oamenilor moderni si ai Neanderthalienilor[16] şi, implicit, şi ai denisovanilor. *Homo heidelbergensis* este adesea considerat a fi o specie atât vest-eurasiatică, cât şi africană, dar nu şi est-asiatică. Cu toate acestea, dovezile genetice provenite de la australo-denisovani arată că este posibil ca linia *Homo heidelbergensis* să se fi stabilit cu foarte mult timp în urmă şi în estul Eurasiei. Una dintre implicaţiile profunde ale descoperirii denisovanilor a fost aceea că estul Eurasiei reprezintă o scenă centrală a evoluţiei umane, iar nu una secundară, aşa cum afirmă deseori occidentalii.

Avem acum acces la informaţii la nivel de genom provenite de la patru populaţii umane foarte divergente, care aveau, toate, un creier de mari dimensiuni si care încă mai trăiau

acum 70 000 de ani. Aceste populaţii sunt oamenii moderni, Neanderthalienii, denisovanii siberieni şi australo- denisovanii. Acestora trebuie să le adăugăm micii oameni din insula Flores, Indonezia – „hobiţii”, care este posibil să fi provenit din *Homo erectus* timpuriu ai căror descendenţi au ajuns în insula Flores acum mai bine de 700 000 de ani si au rămas izolaţi acolo din cauza apelor adânci.[17] Aceste cinci grupuri de oameni şi, probabil, multe alte grupuri care nu au fost încă descoperite şi care au trăit în acele vremuri erau separate, unele de altele, de sute de mii de ani de evoluţie. Această perioadă este mai mare decât intervalul de timp de când s-au separat cele mai îndepărtat înrudite linii umane de astăzi – de exemplu, aceea reprezentată de vânător-culegătorii san din sudul Africii faţă de toate celelalte populaţii. Acum 70 000 de ani, lumea era populată de forme umane foarte diverse, iar noi avem genomuri de la un număr crescând de astfel de linii, fapt care ne permite să ne întoarcem privirea către un timp în care omenirea era mult mai schimbătoare decât este astăzi.

## CUM I-AU AJUTAT ÎNTÂLNIRILE CU OAMENII ARHAICI PE OAMENII MODERNI

Care este moştenirea biologică a încrucişării dintre oamenii moderni si denisovani? Cea mai mare proporţie a moştenirii provenite de la denisovani în vreo populaţie de astăzi se întâlneşte la locuitorii din Noua Guinee, la australieni şi la oamenii la a căror moştenire au contribuit aceştia.[18] Cu toate acestea,

odată ce am obtinut date mai bune si am folosit ,
tehnici mai precise, am descoperit că există o oarecare moştenire de origine denisovană, chiar dacă mult mai redusă, şi la indivizii care trăiesc pe continentul asiatic[19], iar acest teritoriu continental este locul de unde avem un indicator cu privire la efectele biologice.

Moştenirea denisovană a est-asiaticilor reprezintă aproximativ a 25-a parte din ceea ce găsim în cazul indivizilor din Noua Guinee – adică aproximativ 0,2% din genomul est-asiaticilor şi creşte până la 0,3 – 0,6% în unele părţi din sudul Asiei.[20] Nu am reuşit încă să determinăm dacă moştenirea denisovană a

oamenilor moderni din Asia continentală si din insulele din sud-estul Asiei provine de la aceeaşi populaţie arhaică sau de la populaţii diferite. Dacă moştenirea provine din surse foarte diferite, atunci ar însemna că am surprins încă un moment de încrucişare a oamenilor arhaici cu cei moderni. Dar indiferent de originea sa, încrucişarea denisovană a fost semnificativă din punct de vedere biologic.

Una dintre cele mai şocante descoperiri genomice din ultimii câţiva ani este o mutaţie a unei gene care este activă în hematii şi care permite persoanelor care trăiesc la marile altitudini din Tibet să supravieţuiască în mediul lor sărac în oxigen. Rasmus Nielsen şi colegii săi au arătat că segmentul de ADN în care apare această mutaţie se potriveşte mult mai îndeaproape cu genomul denisovanllor

siberieni decât cu genomul Neanderthalienilor sau al africanilor de astăzi.[21] Acest lucru sugerează că este posibil ca unele rude ale denisovanilor din Asia continentală să fi prezentat o adaptare la altitudini mari, pe care strămoşii tibetanilor să o fi moştenit prin intermediul încrucişărilor cu denisovanii. Dovezile arheologice arată că primii locuitori ai platoului înalt al Tibetului au început să trăiască acolo sezonier, cam de acum 11 000 de ani, şi că ocupaţia principală bazată pe agricultură a început acum 3 600 de ani.[22] Este posibil ca mutaţia să fi crescut rapid ca frecvenţă numai după acest moment, o predicţie care va putea fi testată direct prin studiul ADN-ului tibetanilor străvechi.

încrucişarea cu Neanderthalienii i-a ajutat pe oamenii moderni sâ se adapteze la medii noi, la fel ca si încrucişarea cu denisovanii. Atât noi, cât si alti geneticieni, am arătat că, la nivelul genelor asociate cu biologia proteinelor de keratină, europenii de astăzi şi est-asiaticii au moştenit, în medie, mult mai mult material genetic Neanderthalian, decât în cazul celor mai multe alte grupuri de gene.[23] Acest lucru sugerează că versiuni ale genelor asociate cu biologia proteinelor de keratină purtate de Neanderthalieni au fost păstrate la non-africani, sub presiunea selecţiei naturale, probabil pentru că această keratină este un ingredient esenţial al pielii şi părului, care sunt importante pentru protecţia faţă de condiţiile de mediu din regiunile reci, asemenea celora în care sau deplasat oamenii moderni şi la care Neanderthalienii erau deja adaptaţi.

## OAMENII SUPER-ARHAICI

Dat fiind că Neanderthalienii si denisovanii sunt
mai apropiaţi genetic între[5] ei decât sunt oricare dintre ei faţă de oamenii moderni, ar fi logic să ne aşteptăm ca ei să fie înrudiţi echidistant cu populaţiile actuale care nu au primit vreo moştenire genetică de la niciuna dintre aceste populaţii arhaice – respectiv cu africanii subsaharieni. Şi totuşi, am descoperit că africanii subsaharieni sunt uşor mai îndeaproape înrudiţi cu Neanderthalienii decât cu denisovanii.[24] Acest lucru pare să reflecte un alt exemplu de încrucişare de care nu am avut cunoştinţă. Tiparul pe care l-am observat ar putea fi explicat numai prin încrucişarea denisovanilor cu o altă populaţie încă necunoscută şi profund divergentă – una de la care africanii şi Neanderthalienii au puţin ADN sau chiar deloc şi care s-a separat de strămoşii comuni ai oamenilor moderni, Neanderthalieni şi denisovani, cu mult înainte de separarea acestora unii de alţii.

Dovadă a existenţei unei contribuţii genetice arhaice, necunoscute, la genomul denisovanilor este faptul că, în locaţii ale genomului în care toţi africanii împărtăşesc mutaţii, aceste mutaţii sunt întâlnite mult mai frecvent la Neanderthalieni decât la denisovani. Deoarece acestea sunt mutaţii prezente la toţi africanii, este evident că au apărut cu mult timp în urmă, deoarece, la oameni, durează, de obicei, 1 000 000 de ani sau mai mult pentru ca o nouă mutaţie, nedeterminată de selecţia naturală, să se răspândească în populaţie şi să atingă o

frecvenţă de 100%. Singurul mod prin care se poate explica faptul că denisovanii nu împărtăşesc şi ei aceste mutatii este dacă strămoşii denisovanilor s-au împerecheat cu o populaţie divergentă faţă de denisovani, Neanderthalieni şi oamenii moderni, cu atât de mult timp în urmă, încât aproape toţi oamenii moderni deţin această nouă mutatie.

J J

Examinând mutaţiile care apar cu o frecvenţă de 100% la africanii de astăzi si măsurând rata cu mult mai mare cu care se potrivesc cu genomul Neanderthalienilor decât cu cel al denisovanilor, am estimat că populaţia arhaică necunoscută care s-a încrucişat cu denisovanii s-a separat de linia care conducea la oamenii moderni acum 1 400 000 – 900 000 de ani şi că această populaţie arhaică necunoscută a contribuit cu cel puţin 3 – 6% la zestrea denisovană. Datele sunt nesigure, deoarece cunoştinţele noastre despre rata mutaţiilor umane sunt limitate. Totuşi, chiar şi cu această incertitudine legată de rata mutaţiilor, putem estima date relative cu destulă acurateţe şi putem să avem încredere că această populaţie umană, neconsiderată anterior, s-a desprins cam cu de două ori mai mult timp în urmă decât s-au desprins denisovanii, Neanderthalienii şi oamenii moderni. Mă gândesc la acest grup ca la nişte oameni „super-arhaici”, deoarece reprezintă o desprindere mult mai radicală decât denisovanii. Ei sunt ceea ce eu numesc „populaţii fantomă”, o populaţie despre care nu avem informaţii directe, dar a cărei existenţă poate fi detectată din contribuţiile genetice la oamenii de mai târziu.

EURASIA CA INCUBATOR AL EVOLUŢIEI UMANE

Dintr-o combinare a datelor arheologice şi genetice putem să fim siguri că, în ultimii 2 000 000 de ani, au avut loc cel puţin patru separări populaţionale majore, implicând descendenţele de oameni moderni si arhaici.
*
Dovezile scheletice arată că prima mare răspândire a oamenilor în Eurasia a avut loc acum cel puţin 1 800 000 de ani, aducându-l pe *Homo erectus* din Africa. Datele genetice sugerează că o a doua ramură s-a desprins din aceea care a condus la oamenii moderni, acum 1 400 000 – 900 000 de ani, dând naştere unui grup super-arhaic despre a cărui existenţă avem cunoştinţă prin amestecul său cu strămoşii denisovanllor şi care este plauzibil să considerăm că ar fi contribuit la secvenţele foarte

J

divergente ale ADN-ului mitocondrial, care împărtăşeşte un strămoş comun atât cu Neanderthalienii, cât şi cu oamenii moderni din respectiva perioadă. Genetica mai sugerează o a treia separare majoră care ar fi avut loc acum 770 000 – 550 000 de ani, când strămoşii oamenilor moderni sau separat de cei ai denisovanilor şi ai Neanderthalienilor, urmată de separarea denisovanilor de Neanderthalieni, acum 470 000 – 380 000 de ani.

Aceste date genetice depind de estimările ratei mutaţiilor si se vor modifica atunci când aceste ? *
estimări vor fi mai precise. Este uşor să fii ademenit de încercarea de a stabili corelaţii clare între datele genetice şi dovezile

arheologice, pentru ca apoi să trebuiască să schimbi datele, atunci când apare o nouă estimare genetică a ratei de apariţie a unei noi mutaţii, fapt care conduce la dărâmarea întregului edificiu intelectual. Totuşi, ordinea acestor separări şi elementele distinctive ale populaţiilor pot fi bine determinate cu ajutorul geneticii.

Ideea comună este aceea că toate aceste patru separări corespund populaţiilor ancestrale din Africa, care s-au răspândit în Eurasia. Dar este oare neapărat nevoie ca acesta să fie adevărul?

Argumentul că oamenii moderni au pornit din Africa provine din observaţia că ramurile cele mai profund divergente ale oamenilor care trăiesc în prezent sunt mult mai puternic reprezentate la vânător-culegători africani (precum populaţia san din sudul Africii şi pigmeii din centrul Africii). Cele mai vechi rămăşiţe de oameni cu trăsături moderne anatomic se găsesc, de asemenea, în Africa şi datează de acum aproximativ 300 000 de ani. Totuşi, comparaţiile genetice între populaţiile umane de astăzi, care indică o origine în Africa, pot dovedi numai structura populaţiei care a apărut în ultimele 200 000 de ani, intervalul de timp în care s-a produs diversificarea strămoşilor populaţiilor prezente. Având la dispoziţie datele despre ADN-ul ancestral, ne confruntăm cu observaţia că, din cele patru cele mai profunde descendenţe umane de la care avem date ADN, cele mai ramificate trei dintre ele sunt reprezentate numai în specimenele umane descoperite în Eurasia:

Neanderthalienii, denisovanii şi populaţia „super-arhaică” care a lăsat urme printre denisovanii siberieni.

în parte, motivul pentru care detectăm cele mai vechi ramificaţii la eurasiatici poate fi datorat fenomenului pe care oamenii de ştiinţă îl numesc „prejudecata culegerii datelor”: faptul că aproape toate studiile pe ADN-ul ancestral s-au făcut în Eurasia, iar nu în Africa, astfel încât aici au fost descoperite noile genealogii. Probabil că, dacă am fi avut la fel de multe probe de ADN arhaic ancestral din Africa, aşa cum avem din Eurasia, am fi descoperit acolo descendenţe care s-au separat de oamenii moderni si de Neanderthalieni chiar cu mai multă vreme în urmă decât super-arhaicii.

Dar o altă posibilitate sugerează că populaţiile ancestrale ale oamenilor moderni, Neanderthalienilor si denisovanilor au trăit într- adevăr în Eurasia, descinzând dintr-o populaţie originară de *Homo erectus* care a plecat din Africa. Conform acestui scenariu, au existat migraţii ulterioare înapoi din Eurasia în Africa, migraţii care au furnizat întemeietorii primari ai unei populaţii care, mai apoi, a evoluat în oamenii moderni. Atractivitatea acestei teorii este economia ei: necesită o mişcare majoră în minus între Africa şi Eurasia pentru explicarea datelor. Populaţia super-arhaică şi populaţiile ancestrale ale oamenilor moderni, denisovanilor şi Neanderthalienilor ar fi putut să apară toate în Eurasia, fără a mai necesita alte două migraţii majore, afară din Africa, atâta vreme cât ar fi existat o singură

migraţie mai târzie înapoi în Africa, pentru a stabili o moştenire comună cu oamenii moderni de acolo.

# Un scenariu plauzibil în care strămoşii oamenilor moderni nu au trăit întotdeauna în Africa

• Dovezi provenite din date arheologice

**Teoria convenţională: Strămoşii noştri au trăit întotdeauna În**

*Au avu* t *loc cel puţin patru migraţii*

O Dovezi provenite din datele genetice

**Un scenariu alternativ plauzibil**

*Au avu t loc numai trei migraţii.*

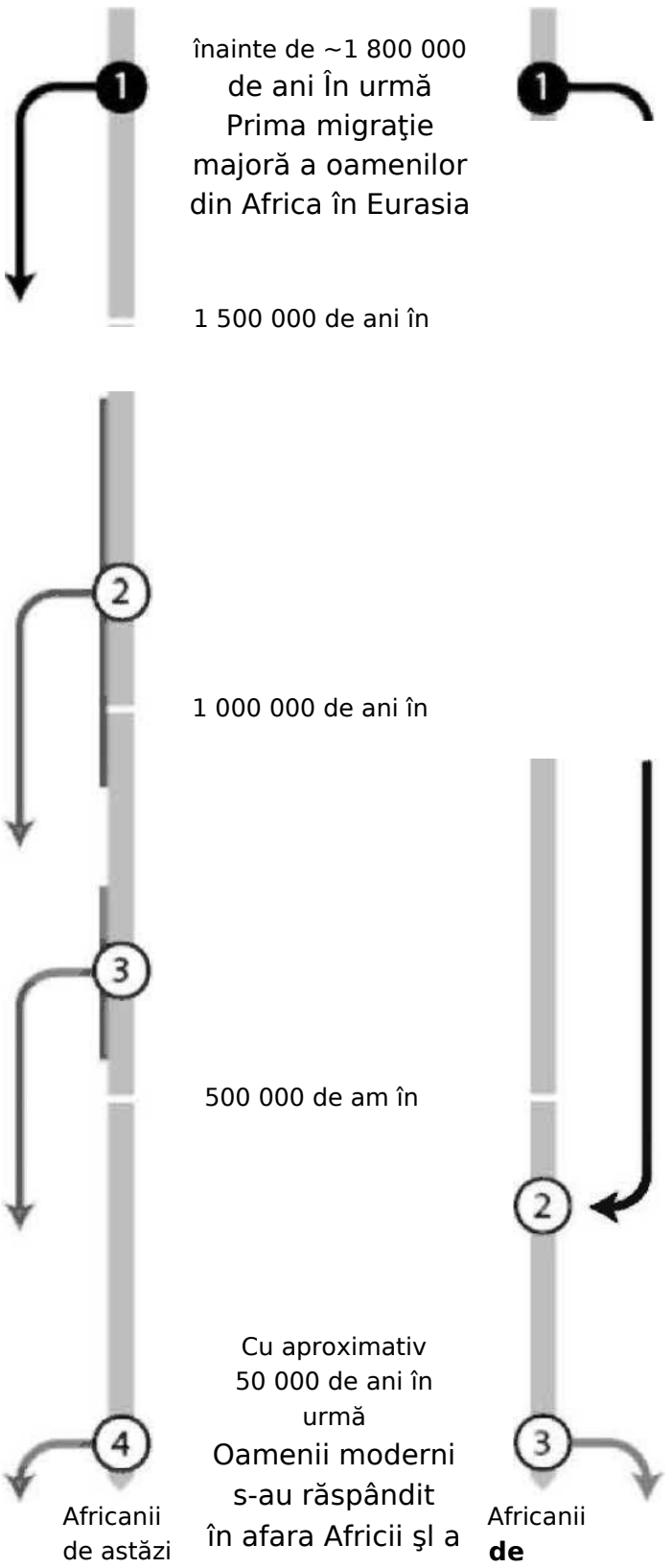

înainte de ~1 800 000 de ani În urmă Prima migraţie majoră a oamenilor din Africa în Eurasia
1 500 000 de ani în
După 1 400 000 – 900 000 de ani A doua linie arhaică pătrunde din Africa îh Eurasia, dând naştere liniei umane super-arhalce.
Strămoşii denisovanllor, Neanderthalienilor şl al super-arhalcllor s-au dezvoltat în afara
1 000 000 de ani în
După 770 000 – 550 000 de ani
A treia linie arhaică Intră în Eurasia din Africa, dând naştere strămoşilor Neanderthalienilor şi
înainte de 300 000 de ani în urmă Strămoşii oamenilor moderni s-au întors în
500 000 de am în
Cu aproximativ 50 000 de ani în urmă
Oamenii moderni s-au răspândit în afara Africii şl a
Africanii de astăzi
Africanii de

**Figura 11. Este** *posibil ca strămoşii oamenilor moderni să fi locuit timp de sute de mii de ani în afara A fricii? Modelele convenţionale consideră că strămoşii oamenilor au evoluat, tot timpul, numai în Africa. Pentru a explica datele actuale genetice şi arheologice, a fost nevoie de minimum patru migraţii afară din Africa. Totuşi, dacă strămoşii noştri au trăit în afara Africii, de acum mai mult de 1 800 OOO de ani până acum 300 000 de ani, atunci ar fi nevoie de numai trei migraţii majore.*

Argumentul că această explicaţie se bazează pe mai puţine presupuneri, deci e mai „economică”, nu reprezintă însă o dovadă în sine. Dar ideea mai importantă este că dovezile diferitelor descendenţe şi hibridizări

ar trebui să zdruncine convingerea, considerată de mulţi oameni a fi indiscutabilă, că Africa a fost epicentrul tuturor evenimentelor majore din evoluţia omului. Este cert, pe baza probelor scheletice, că Africa a jucat un rol central în evoluţia noastră, înainte de acum 2 000 000 de ani, aşa după cum ştiam de când s-au descoperit antropoidele bipede care au trăit în Africa cu milioane de ani înaintea lui *Homo.* Cunoaştem, de asemenea, în baza scheletelor de oameni cu trăsături moderne anatomic, de acum aproximativ 300 000 de ani, şi a dovezilor genetice ale dispersării lor, în ultimii 50 000 de ani, afară din Africa şi din Orientul Apropiat, că Africa a jucat un rol central în apariţia oamenilor moderni anatomic. Dar ce putem spune despre perioada intermediară cuprinsă între acum 2 000 000 de ani şi acum 300 000 de ani? În mare parte a acestui interval de timp, scheletele umane provenite din Africa nu sunt, în mod evident, mai îndeaproape înrudite cu oamenii moderni decât scheletele din Eurasia.[25] Având în vedere că acum mai bine de 2 000 000 de ani descendenta noastră s-a aflat în Africa si că se găsea acolo şi acum aproximativ 300 000 de ani, a existat tendinţa, în ultimele două decenii, de a se considera că strămoşii noştri trebuie să se fi aflat

în Africa în tot acest timp. Dar Eurasia este un supercontinent bogat şi variat şi nu există motive fundamentale pentru care strămoşii care au condus la apariţia oamenilor moderni să nu fi stat acolo o perioadă importantă de

timp, înainte de a reveni în Africa.

Dovezile genetice că strămoşii oamenilor moderni ar fi putut să petreacă o parte substanţială a istoriei lor evolutive în Eurasia sunt, în fapt, concordante cu o teorie lansată de Maria Martinon-Torres si Robin Dennell.[26] Punctul lor de vedere este unul minoritar în domeniul arheologiei şi antropologiei, dar unul respectat. Ei susţin că oamenii pe care-i numesc *Homo antecessor,* descoperiri în Atapuerca, Spania şi care datează de acum aproximativ 1 000 000 de ani, prezintă un amestec de trăsături care indică faptul că provin dintr-o populaţie străbună oamenilor moderni si Neander-thalienilor. Aceasta este o dată foarte îndepărtată la care populaţia străbună a oamenilor moderni/Neanderthalienilor să fi existat în Eurasia. Multi dintre cei care cred că Neanderthalienii din *f*

Europa au descins dintr-o ramură a populaţiei ancestrale, care a migrat în afara Africii, presupun că strămoşii ambelor populaţii se aflau încă în Africa în acel moment. Combinând această dovadă cu analiza arheologică a tipurilor de unelte, Martinon-Torres şi Dennell susţin posibilitatea unei existenţe continue în Eurasia, de acum cel puţin 1 400 000 de ani şi până la apariţia celui mai recent strămoş comun al oamenilor moderni şi al Neanderthalienilor, de acum mai puţin de 800 000 de ani, moment în care una dintre linii a migrat înapoi în Africa devenind linia din care au evoluat oamenii moderni.[27] Teoria lui Martinon-Torres şi Dennell a devenit mai plauzibilă în lumina noilor dovezi genetice.

Parte a scenariului „afară din Africa” este ideea simplificată că Africa – în special estul Africii – a fost dintotdeauna leagănul diversităţii umane şi locul unde au apărut inovaţiile, iar restul lumii este doar receptacolul inert al evoluţiei. Dar există oare suficiente motive pentru care să credem că toate evenimentele-cheie ale evoluţiei umane au avut loc în aceeaşi regiune a lumii? Datele genetice arată că multe grupuri de oameni arhaici au populat Eurasia si că unele dintre acestea s-au încrucişat cu oamenii moderni. Acest lucru ne obligă să ne întrebăm de ce direcţia migraţiei ar fi trebuit să fie întotdeauna doar în sensul ieşirii din Africa spre Eurasia, şi dacă nu este posibil ca lucrurile să se fi petrecut, uneori, şi invers.

## CEL MAI VECHI ADN DESCOPERIT PÂNĂ ACUM

La începutul anului 2014, Matthias Meyer, Svante Pääbo şi colegii lor din Leipzig au crescut cu un factor de aproximativ patru recordul celui mai vechi ADN uman obţinut, secvenţiind ADN-ul mitocondrial al unui individ de *Homo heidelbergensis,* vechi de peste 400 000 de ani, din sistemul de peşteri Sima de los Huesos din Spania, unde au fost găsiţi, pe fundul unei galerii adânci de 13 metri, 28 de oameni străvechi.[28] Scheletele din Sima aveau trăsături de Neanderthalieni timpurii, iar arheologii care au făcut săpăturile le-au considerat ca aparţinând liniei care duce la Neanderthalieni, după separarea de strămoşii oamenilor moderni. La doi ani după ce Meyer şi Pääbo au publicat

datele despre ADN-ul mitocondrial de la Sima de los Huesos, au publicat şi datele la nivel de genom.[29] Analizele lor au confirmat nu numai că oamenii de la Sima aparţineau liniei Neanderthaliene, dar au mers mai departe, arătând că oamenii de la Sima erau mai îndeaproape înrudiţi de Neanderthalieni decât de denisovani. Aceste rezultate au adus dovezi directe ale faptului că strămoşii Neanderthalienilor evoluau deja în Europa, cu cel puţin 400 000 de ani în urmă, şi că separarea liniilor Neanderthaliene de cele denisovane începuse deja la acea dată.

Dar rezultatele de la Sima erau, de asemenea, derutante: genomul mitocondrial al oamenilor de la Sima era mai strâns înrudit cu cel al denisovanilor decât cu cel al Neanderthalienilor, contrar datelor la nivel de genom care indicau o mai strânsă legătură cu Neanderthalienii.[30] Dacă ar fi existat numai o singură discrepanţă între înrudirile medii măsurate în întregul genom şi înrudirile de la nivelul ADN-ului mitocondrial, am fi putut crede că este vorba de o fluctuaţie statistică. Dar există două discrepanţe în privinţa înrudirilor genetice: faptul că individul de la Sima de los Huesos avea ADN mitocondrial de tip denisovan, în ciuda faptului că era mai apropiat de Neanderthalieni prin restul genomului, şi faptul că individul denisovan siberian avea ADN mitocondrial de două ori mai divergent faţă de oamenii moderni şi de Neanderthalieni decât aveau ei unul fată de celalalt, în ciuda faptului că era mai apropiat de Neanderthalieni în restul genomului.[31] Coincidenţa acestor două observaţii este atât

de puţin probabilă, încât pare mult mai plauzibilă existenţa unei istorii mai vechi care trebuie dezvăluită.

Probabil că oamenii super-arhaici – cei care s-au încru-cisat cu denisovanii – au avut un rol mult mai

*

important în istoria populaţiei umane eurasiatice, decât ne-am imaginat iniţial. Este posibil ca, după separarea de linia care ducea la oamenii moderni, acum aproximativ 1 400 000 – 900 000 de ani, aceşti oameni super-arhaici să se fi răspândit în Eurasia, unde au început să dezvolte linia mitocondrială străveche întâlnită la denisovani si la oamenii din Sima. Cam pe la jumătatea acestui interval de timp, este posibil ca un alt grup să se fi desprins din linia care conducea la oamenii moderni şi apoi să se fi răspândit în Eurasia. Acest grup este posibil să se fi amestecat cu populaţia super-arhaică, contribuind la cea mai mare proporţie a moştenirii acestor populaţii din vest, care au evoluat către Neanderthalieni şi într-o proporţie mai redusă, dar de asemenea substanţială, la moştenirea genetică a populaţiilor din est, care au devenit strămoşii denisovanilor. Acest scenariu ar explica descoperirea a două tipuri străvechi, divergente, de ADN mitocondrial la diferite grupuri. Ar putea, de asemenea, explica o observaţie ciudată, făcută de mine şi nepublicată: faptul că atunci când am comparat variaţiile în timp ale strămoşului genetic comun al genomului omului modern, atât cu genomul denisovanilor, cât şi cu cel al Neanderthalienilor, nu am putut să găsesc

dovezi ale existenţei unei populaţii super-arhaice care să fi contribuit numai la genomul denisovanilor, dar nu şi la cel al Neanderthalienilor. în schimb, tiparele sugerează că denisovanii şi Neanderthalienii au o moştenire provenită de la o populaţie super-arhaică, care a contribuit genetic în mai mare măsură în cazul denisovanilor.

Johannes Krause şi colegii săi au sugerat o teorie alternativă. Ideea lui Krause este că, acum câteva sute de mii de ani, o populaţie umană modernă a migrat afară din Africa şi s-a amestecat cu alte grupuri, precum cele care au trăit în Sima de los Huesos, înlocuindu-le ADN-ul mitocondrial împreună cu o mică parte din restul genomului lor şi creând o populaţie mixtă care a evoluat către adevăraţii Neanderthalieni.[32] Ideea poate să pară complicată, dar ar putea, de fapt, să explice mai multe observaţii disparate, pe lângă faptul că Neanderthalienii aveau o secvenţă mitocondrială mult mai asemănătoare cu cea a oamenilor moderni, decât cu oamenii din Sima sau cu individul denisovan siberian. Ar putea explica faptul că data existentei strămoşului comun al oamenilor si al Neanderthalienilor, estimată pe baza ADN-ului mitocondrial (470 000 – 360 000 de ani în urmă)[33] este, în mod paradoxal, mai recentă decât data separării strămoşilor acestor două populaţii, estimată prin analiza întregului genom (770 000 – 550 000 de ani în urmă).[34] Ar putea, de asemenea, explica cum de Neanderthalienii si oamenii moderni au folosit aceleaşi metode complexe de confecţionare a

uneltelor de piatră, caracteristice Epocii Mijlocii a Pietrei, chiar dacă cele mai vechi astfel de unelte au o vârstă cu sute de mii de ani mai recentă decât momentul, estimat genetic, al separării liniilor Neanderthaliene de cele ale oamenilor moderni.[35] în cele din urmă, această teorie a devenit mai plauzibilă în lumina studiilor conduse de Sergi Castellano şi Adam Siepel, care au sugerat că a existat o hibridizare de până la 2% la strămoşii Neanderthalienilor, provenită de la o linie mai timpurie a oamenilor moderni.[36] Dacă teoria lui Krause este corectă, aceasta ar putea să fie descendenţa care a răspândit ADN-ul mitocondrial prezent la toţi Neanderthalienii.

Oricare ar fi explicaţia acestor tipare, este limpede că mai avem multe lucruri de învătat. Perioada de dinainte de acum 50 000 de ani a fost o perioadă intensă pentru Eurasia, cu un număr mare de populaţii umane care ajungeau din Africa, începând încă de acum 1 800 000 de ani. Aceste populaţii s-au separat în grupuri surori, devenind divergente, care apoi s-au amestecat din nou între ele şi cu nou- veniţii. Cele mai multe dintre aceste grupuri au dispărut de mult, cel puţin în forma lor „pură”. Cunoşteam de ceva vreme, din schelete şi arheologie, că a existat o diversitate umană impresionantă înainte de migraţia oamenilor moderni afară din Africa. Nu ştiam totuşi, înainte de extragerea şi studierea ADN-ului ancestral, că Eurasia a reprezentat un loc al evoluţiei umane, care rivaliza cu Africa. în acest context, dezbaterile aprinse cu privire la posibilitatea ca oamenii

moderni să se fi împerecheat cu Neanderthalienii, atunci când s-au întâlnit în Eurasia – care au fost definitiv încheiate în favoarea evenimentelor de încrucişare care au contribuit la miliardele de oameni care trăiesc astăzi par o simplă anticipare. Europa este o peninsulă, un capăt de mărime modestă al Eurasiei. Dată fiind marea diversitate a denisovanilor si a Neander-thalienilor – deja reprezentată prin secvenţele de ADN de la cel puţin trei populaţii separate între ele prin sute de mii de ani, şi anume denisovanii siberieni, australo-denisovanii şi Neanderthalienii –, modul corect de a privi aceste populaţii este ca fiind membri ai unei familii de oameni arhaici foarte evoluaţi, vag înrudiţi între ei, care locuiau într-o regiune vastă a Eurasiei.

ADN-ul ancestral ne-a permis să pătrundem adânc în timp şi ne-a obligat să ne punem întrebări în legătură cu modul în care ne înţelegem trecutul. Dacă primul genom Neanderthalian, publicat în 2010, a deschis un stăvilar în barajul cunoaşterii despre trecutul îndepărtat, genomul de la Denisova şi apoi celelalte descoperiri legate de ADN-ul ancestral au deschis zăgazurile, producând un torent de descoperiri care a perturbat multe dintre concepţiile convenabile pe care le-am avut anterior. Iar acesta a fost numai începutul.

## PARTEA A II-A

# CUM AM AJUNS UNDE NE

# AFLĂM ÎN PREZENT

# Oamenii moderni din Eurasia

54 000-49 000 de a ni in urma Neanderthaheni şi strămoşi ai non-africanilor s-au incrucisat

-47 ooo de ani in urma ale tehnologiei din

37 ooo- 35 ooo de ani in urma Data minimă a separării pnncipalelor Imn europene de

>54000-49000deam in urma

**PERIOADA DE**

Prezen

Eurasiaticii iniţiali s-au separat de celelalte Imn non-africane

~39 000deanl În urma Neanderthalienn au dispărut din Europa.

25000- 19 000 de ani în urma

Ultimul maxim glaciar

~11 500 de ani fn urma ncepe agricultura in Orientul Apropiat si este practicată de populaţii nalt divergente

33 000-22 000 de ani În urmă Cultura gravettiană si un nou tip de moştenire genetică se răspândesc in Europa venind dinspre est.

19000- 14 000 de ani În urma Cultura magdaleniană şi un nou tip de moştenire genetică se răspândesc in Europa venind

10 000 – 4 000 de ani În urmă Populaţia vest-eurasiatică se amestecă

30 000 de am în

20 000

Prezent 14 000 – 8 000 de ani in urma Perioada de încălzire Bolling-Allerod permite unui nou grup de vânător-culegători să se răspândească in Europa, venind din sud-est.

~24 000 de ani in urma Băiatul Malta din Siberia un nord-eurasiatic străvechi

33 000 de am în urma – prezent

# CAPITOLUL 4

# FANTOMELE UMANITĂŢII

## DESCOPERIREA NORD-EURASIATICILOR STRĂVECHI

Când se confruntă cu diversitatea vieţii, biologii evolu-ţionişti recurg la metafora arborelui. Charles Darwin, la întemeierea domeniului, a scris: „afinităţile tuturor

fiinţelor din aceeaşi clasă au fost uneori reprezentate de un copac minunat... Crenguţele verzi şi înmugurite pot reprezenta speciile existente... Braţele, divizate în ramuri mari, care la rândul lor sunt divizate în crengi din ce în ce mai mici, au fost ele însele, cândva, atunci când arborele era mic, nişte crenguţe înmugurite."[1] Populaţiile actuale au înmugurit din cele trecute, care s-au ramificat dintr-un trunchi comun, în Africa. Dacă metafora arborelui este corectă, atunci înseamnă că oricare populaţie de astăzi va avea o singură populaţie ancestrală în fiecare moment din trecutul ei. Semnificaţia arborelui este aceea că, odată ce o populaţie se separă, ea nu se mai reamestecă, deoarece crengile nu se pot reuni.

Avalanşa de date noi, care au devenit disponibile ca urmare a revoluţiei genomului, a arătat cât de greşită este metafora arborelui, când se referă la descrierea relaţiilor dintre populaţiile umane moderne. Cel mai apropiat colaborator al meu, matematicianul Nick Patterson, a dezvoltat o serie de teste formale pentru a evalua dacă modelul arborelui este o reprezentare

adecvată a relaţiilor unei populaţii reale. Primul dintre acestea a fost testul celor patru populaţii, care, aşa după cum l-am prezentat în partea I, examinează sutele de mii de poziţii ale genomului în care indivizii variază – de exemplu, acolo unde unii oameni au adenină (una dintre cele patru „litere” ale ADN-ului), iar alţii au guanină –, fapt care reflectă o mutaţie care a apărut cu mult timp în trecut. Dacă un set de patru populaţii este descris de un arbore, atunci este de aşteptat ca frecvenţele mutaţiilor lor să aibă o relaţie simplă.[2]

Cea mai naturală cale de testare a modelului arborelui este măsurarea frecventelor mutaţiilor din genomurile a două populaţii despre care presupunem că s-au separat din aceeaşi ramură. Dacă modelul arborelui este corect, frecvenţele mutaţiilor din cele două populaţii se vor fi schimbat în mod aleator, de la momentul separării lor de alte două populaţii, mai îndepărtat înrudite, şi astfel diferenţele de frecvenţă dintre aceste două perechi de populaţii vor fi statistic independente. Dacă modelul arborelui este greşit, va exista o corelaţie între diferenţele

de frecvenţă a mutaţiilor, fapt care sugerează o posibilă amestecare între ramuri. Testul celor patru populaţii a fost esenţial pentru demonstraţia noastră conform căreia Neander- thalienii sunt mai îndeaproape înrudiţi cu non- africanii decât cu africanii şi, astfel, că au avut loc încrucişări între Neander-thalieni si non-africani.[3] Dar descoperirile legate de încrucişarea între arhaici şi moderni reprezintă doar o mică parte din cele descoperite cu ajutorul testului celor patru populaţii.

Prima descoperire majoră făcută în laboratorul meu, folosind testul celor patru populaţii, a apărut atunci când am testat ideea larg răspândită că nativii americani şi est-asiaticii sunt „populaţii surori” care descind dintr-o ramură ancestrală comună, care s-a separat mai devreme de strămoşii europenilor şi ai africanilor subsaharieni. Spre surprinderea noastră, am găsit că, la nivelul mutaţiilor neîmpărtăşite cu africanii subsaharieni, europenii sunt mai îndeaproape înrudiţi cu nativii americani decât sunt cu est-asiaticii. Ar fi tentant să susţinem că această observaţie are o explicaţie simplă, cum ar fi

aceea că nativii americani au o oarecare moştenire genetică provenită de la migratorii europeni care au venit în Americi în ultimii 500 de ani. Dar am găsit acelaşi tipar la fiecare populaţie de nativi americani pe care am studiat-o, inclusiv la cei despre care putem demonstra că nu s-au amestecat cu europenii. Scenariul nativilor americani şi al europenilor care ar proveni dintr-o populaţie comună, care s-a separat mai timpuriu de est-asiatici, a fost, de asemenea, contrazis de datele obţinute. Ceva a fost profund în neregulă cu modelul standard al arborelui relaţiilor populaţiilor.

Am scris o lucrare în care descriam aceste rezultate, sugerând că tiparele reflectă un episod de amestec timpuriu la nivelul strămoşilor nativilor americani: o amestecare a oamenilor înrudiţi cu europenii cu cei înrudiţi cu est-asiaticii, înainte de traversarea podului terestru Bering dintre Asia şi Americi. Am trimis spre publicare această lucrare, „Ancient Mixture in the Ancestry of Native Americans” (Amestecul ancestral în descendenţa nativilor americani, n. tr.), în 2009. A fost acceptată cu condiţia unor

modificări minore, dar, în cele din urmă, nu am mai publicat-o.

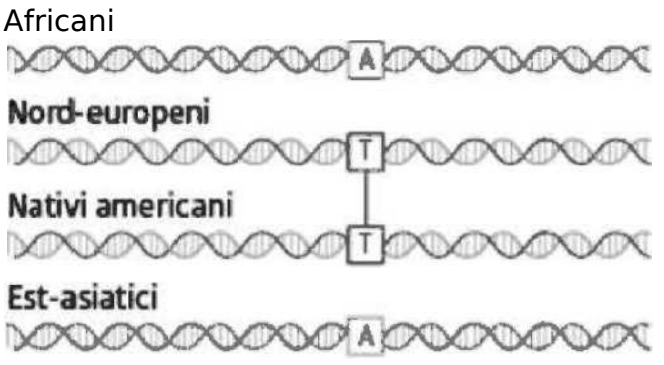
Chiar în timp ce făceam revizuirea finală a textului acestei lucrări, Patterson a descoperit ceva şi mai ciudat, care ne-a făcut să ne dăm seama că înţelesesem numai o parte a poveştii.[4] Pentru a-i explica descoperirea, trebuie să descriu un alt test
statistic pe care l-am creat, testul celor trei populaţii, care evaluează o populaţie „test” pentru evidenţierea amestecurilor. Dacă populaţia test este un amestec de linii înrudite cu populaţiile de referinţă în două feluri diferite – aşa după cum, de exemplu, afro- americanii sunt un amestec de europeni şi vest- africani atunci frecvenţa mutaţiilor din populaţia test este de aşteptat să fie undeva pe la mijloc. în schimb, dacă încrucişarea nu s-a produs, nu există niciun motiv să ne aşteptăm ca frecvenţele mutaţiilor din populaţie să fie intermediare. Astfel, scenariile amestecului si non-amestecului conduc la două tipare foarte diferite calitativ.

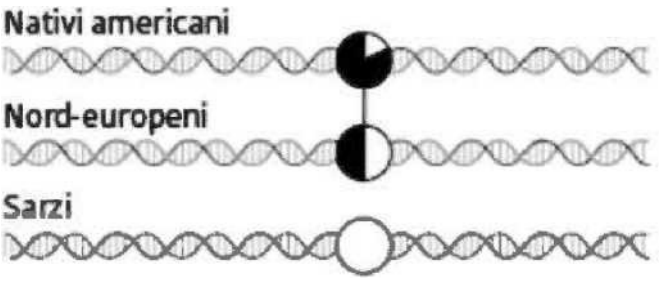
Când am aplicat testul celor trei populaţii unor populaţii umane diferite, am detectat

statistici negative atunci când populaţia test era cea a nord- europenilor, dovedind că amestecul populaţiei avusese loc la nivelul strămoşilor nord-europenilor. Am încercat toate felurile posibile de cuplări pentru compararea a peste 50 de populaţii din întreaga lume şi am găsit că dovada amestecului era cea mai puternică atunci când una dintre populaţiile de comparat era cea din sudul Europei, în special din Sardinia, iar cealaltă era populaţia de nativi americani. în mod evident, populaţiile de nativi americani erau cele care produceau cele mai multe valori negative, aşa după cum am constatat că statistica era mai negativă atunci când foloseam nativi americani drept a doua populaţie de comparat decât atunci când foloseam est-asiaticii, siberienii sau papuaşii. Ceea ce am descoperit a fost dovada că oamenii din nordul Europei, precum francezii, provin dintr-un amestec de populaţii, care are o moştenire comună mai amplă cu nativii americani de astăzi decât cu oricare alte populaţii actuale.

Cum putem înţelege aceste rezultate, atât cele ale testului celor trei populaţii, cât şi cele

ale testului celor patru populaţii? Am avansat ideea că, acum mai bine de 15 000 de ani, a existat o populaţie care trăia în nordul Eurasiei şi care nu era populaţia ancestrală primară a locuitorilor de astăzi ai acestor regiuni. Unii oameni din această populaţie au migrat spre est, traversând Siberia şi au contribuit la populaţia care a trecut podul terestru Bering, dând naştere nativilor americani. Alţii au migrat către vest şi au contribuit la geneza europenilor. Acest scenariu ar explica de ce, astăzi, dovezile amestecului europenilor sunt mai puternice atunci când folosim nativii americani ca un surogat de populaţie ancestrală şi nu sunt la fel de puternice în cazul indigenilor siberieni, care, în mod plauzibil, descind din migraţii mai recente în Siberia, după epoca glaciaţiilor, ale unor populaţii provenind din zone mai sudice ale estului Asiei.




Frecvenţa mutaţiei .F

**Xk** Testul celor patru populaţii arata fie că ” nord-europenii conţin un amestec provenit de la nativii americani fie că nativii americani au un amestec provenit de la europeni

£k Testul celor trei populaţii arată că nord-europenii au un amestec de la nativii americani prin evidenţierea faptului că frecvenţa mutaţiilor la nord-europeni are tendinţa de a fi intermediara între cea a nativilor americani şi cea a sud-europenilor.







**£k** Existenţa vechilor nord-e uraşi atici – o populaţie care trebuie să fi existat în trecut şi care a contribuit atât la genomul europenilor, cât şi la cel al nativilor americani – ar explica aceste rezultate.

**£k** Fantoma a fost găsită: Genomul băiatului Mal’ta de acum aproximativ 24 000 de ani se potriveşte cu cel al prezumatei populaţii de vechi nord-eurasiatici.

**Figura 12.** *Găsirea fantomei nord-eurasiatice*

Am numit această ipotetică nouă populaţie „vechii nord-eurasiatici”. La momentul la care am propus acest lucru, ei erau doar o „fantomă” – o populaţie despre care puteam presupune că a existat, bazându- ne pe reconstrucţia statistică, dar care nu mai există în formă neamestecată. Vechii nord-eurasiatici ar fi fost, fără îndoială, numiţi o „rasă”, dacă ar fi trăit astăzi, aşa după cum am putut arăta că ar fi trebuit să fie, din punct de vedere genetic, aproape la fel de deosebiţi de toti ceilalţi eurasiatici care au trăit la

vremea respectivă, pe cât sunt de diferiţi între ei „vest-eurasiaticii”, „nativii americani” şi „est-asiaticii” de astăzi. Cu toate că nu au lăsat descendent! neîncrucişaţi, vechii nord-eurasiatici au avut, în fapt, extrem de mult succes. Dacă punem laolaltă tot materialul genetic cu care au contribuit la populaţiile din ziua de astăzi, ei reprezintă, literal, genomurile a sute de milioane de oameni. Altfel spus, mai mult de jumătate din populaţia lumii îşi datorează vechilor nord-eurasiatici între 5 şi 40% din genom.

Cazul vechilor nord-eurasiatici a arătat că, în timp ce un arbore este o analogie bună pentru relaţiile dintre specii – deoarece speciile rareori se încrucişează între ele şi astfel, ca şi ramurile adevărate ale unui arbore, nu este de aşteptat ca să se reunească după ce s-au separat[6] –, este o analogie riscantă, atunci când se aplică populaţiilor umane. Revoluţia genomului ne-a învăţat că marile amestecuri între populaţii înalt divergente au apărut în mod repetat.[7] în locul

unui arbore, o metaforă mai potrivită ar putea fi aceea a unei împletituri, care se ramifică şi se reamestecă mult înapoi, în trecut.[8]

## FANTOMA A FOST GĂSITĂ

La sfârşitul anului 2013, Eske Willerslev şi colegii săi au publicat date la nivel de genom din oasele unui băiat, oase care au fost găsite în peştera Mal’ta, din sudul Siberiei centrale, şi care aveau o vechime de aproximativ 24 000 de ani.[9] Genomul Mal’ta are afinitatea genetică cea mai puternică cu europenii şi nativii americani si o afinitate mai slabă cu siberienii care trăiesc astăzi în această regiune – exact după cum am prezis pentru populaţia fantomă a vechilor nord-eurasiatici. Genomul Mal’ta a devenit acum un prototip pentru vechii nord-eurasiatici. Paleontologii l-ar numit un „specimen tip”, individul folosit în literatura ştiinţifică pentru a defini un grup nou- descoperit.

Cu genomul Mal’ta la dispoziţie, celelalte piese ale mozaicului s-au aşezat la locurile lor. Nu mai era necesar să reconstituim ce anume s-a petrecut cu mult timp înainte, pe baza populaţiilor actuale. Dimpotrivă, cu un genom obţinut direct de la populaţia fantomă a fost posibilă înţelegerea migraţiilor şi amestecului de populaţii, petrecute în urmă cu zeci de mii de ani, ca şi cum am fi analizat istoria recentă. Ceea ce s-a putut realiza cu ajutorul genomului Mal’ta este cel mai bun exemplu pe care-l cunosc despre puterea ADN-ului ancestral de a dezvălui istoria care, până atunci, putea fi doar vag bănuită din datele prezentului.

Analiza genomului Mal’ta a clarificat faptul că nativii americani îşi datorează aproape o treime din moştenirea lor genetică vechilor nord-eurasiatici şi restul, est-asiaticilor. Acest amestec major explică din ce cauză europenii sunt mai apropiaţi genetic de nativii americani decât de est-asiatici. Manuscrisul nostru rămas nepublicat, care susţinea că nativii americani provin dintr-un amestec de est-asiatici şi vest-eurasiatici, era corect, dar nu spunea întreaga istorie; lucrarea a fost depăşită de evenimentele din domeniul ADN-ului ancestral, un domeniu foarte dinamic. Ceea ce au descoperit Willerslev şi colegii săi a depăşit cu mult ceea ce am fost noi capabili să facem bazându-ne numai pe populaţiile moderne. Echipa lui Willerslev nu numai că a dovedit că nativii americani au provenit dintr-un amestec de populaţii – lucru pe care noi nu am putut să-l demonstrăm, deoarece nu aveam cum să excludem scenariul alternativ –, dar au şi arătat că amestecul a fost parte a unei istorii mult mai ample.

Descoperirea că numeroase populaţii mari din afara Africii de astăzi sunt profund amestecate a fost în contradicţie cu informaţiile la care se aşteptau cei mai multi oameni de stiintă. înainte de revoluţia genomului şi eu, ca mulţi alţii, presupuneam că marile grupuri genetice de populaţii pe care le cunoaştem astăzi reflectă ramificaţiile profunde din trecut. Dar, în fapt, marile clustere de astăzi sunt, ele însele, rezultatul amestecurilor unor populaţii foarte diferite, care au existat mai înainte. De atunci am detectat tipare asemănătoare în fiecare

populaţie pe care am analizat-o; est-asiatici, sud-asiatici, vest- africani, sud-africani. Nu a existat niciodată un singur trunchi în trecutul oamenilor. A fost vorba de amestecuri tot timpul.

## FANTOMA DIN ORIENTUL APROPIAT

Pe tot parcursul anului 2013, Iosif Lazaridis, care lucra în laboratorul meu, a fost tulburat de o descoperire care nu putea fi înţeleasă fără ADN-ul ancestral.

Lazaridis încerca să înţeleagă un rezultat aparte al testului celor patru populaţii, care indica faptul că est-asiaticii, europenii de astăzi şi vânător-culegătorii pre-agricultori din Europa de acum 8 000 de ani nu erau înrudiţi între ei, conform modelului arborelui, în schimb, analiza lui arăta că est-asiaticii de astăzi sunt, în medie, mai îndeaproape înrudiţi genetic cu strămoşii vânător-culegătorilor europeni decât sunt cu strămoşii europenilor din prezent. Studiile asupra ADN-ului ancestral arătaseră, anterior studiilor lui Lazaridis, că europenii de astăzi deţin parte a moştenirii lor genetice de la agricultorii care au migrat din Orientul Apropiat şi despre care presupuneam că provin din aceeaşi populaţie ancestrală ca şi europenii vânător-culegători. Lazaridis a realizat că moştenirea primilor agricultori europeni era oarecum diferită de cea a europenilor vânător-culegători. Era vorba despre ceva cu mult mai complicat.

Lazaridis a evaluat două explicaţii alternative. 0 explicaţie era aceea că a existat un amestec între strămoşii străvechilor

europeni vânător-culegători şi est-asiatici, lucru care a adus laolaltă, din punct de vedere genetic, cele două populaţii. Nu există bariere geografice de netrecut între Europa şi estul Asiei, prin urmare aceasta era o posibilitate distinctă. Cealaltă explicaţie a fost aceea că agricultorii europeni timpurii, care au contribuit în mare măsură la ADN- ul europenilor de astăzi, îşi trag parte din originea lor genetică dintr-o populaţie care s-a separat timpuriu de grupul principal care a populat Eurasia. Acest lucru ar face ca est-asiaticii să fie mai puţin asemănători cu europenii de astăzi decât sunt cu europenii vânător-culegători pre-agricultori.

Odată ce s-a realizat secvenţierea genomului băiatului din Mal'ta, Lazaridis a rezolvat instant problema.[10] Cu datele despre acest genom la dispoziţie, el a făcut testul celor patru populaţii pe variate seturi de populaţii. Mal'ta şi vânător- culegătorii europeni pre-agricultori apăreau a descinde dintr-o populaţie ancestrală comună, care a apărut după separarea de est-asiatici şi de africanii subsaharieni. Datele erau concordante cu cele ale unui arbore simplu. Dar atunci când Lazaridis a înlocuit vânător-culegătorii europeni ancestrali din statistica sa cu europenii de astăzi sau cu agricultorii europeni timpurii, metafora arborelui nu a mai putut fi utilă pentru descrierea datelor. Europenii de astăzi şi locuitorii din Orientul Apropiat sunt amestecaţi: ei deţin o moştenire de la o linie divergentă eurasiatică, care s-a ramificat din trunchiul comun al indivizilor Mal'ta, vânător-culegătorilor europeni şi est-

asiaticilor, înainte ca aceste trei linii să se separe una de alta.

Lazaridis a denumit această linie „eurasiatici iniţiali” pentru a-i sublinia poziţia ca fiind cea mai profundă separare din radiaţia liniilor care au contribuit la apariţia non-africanilor. Eurasiaticii iniţiali au fost o nouă populaţie fantomă, una la fel de importantă ca şi vechii nord-eurasieni, măsurată după numărul comun de genomuri descendente pe care le-a lăsat în urmă. Amploarea abaterilor din testul celor patru populaţii faţă de valoarea zero, care ar fi de aşteptat dacă populaţiile ar fi fost înrudite pe principiul unui arbore simplu, indică faptul că această populaţie fantomă a contribuit cam cu un sfert la genomul europenilor şi al locuitorilor din Orientul Apropiat de astăzi. De asemenea, a contribuit în proporţii comparabile la moştenirea genetică a iranienilor şi indienilor.

Nimeni nu a colectat până acum ADN ancestral de la eurasiaticii iniţiali. în prezent, găsirea unei astfel de probe reprezintă Sfântul Graal în domeniul ADN- ului, tot aşa cum a fost găsirea vechilor nord- eurasiatici, înaintea descoperirii rămăşiţelor băiatului de la Mal’ta. Dar ştim faptul că eurasiatici iniţiali au existat. Si chiar în absenta ADN-ului lor ancestral, cunoaştem lucruri importante despre ei, bazându-ne pe fragmentele genomice pe care le-au lăsat în urmă, în probele de la care avem date.

O caracteristică extraordinară a eurasiaticilor iniţiali, comparativ cu celelalte descendenţe care au contribuit la apariţia

oamenilor din ziua de astăzi din afara Africii, este faptul că nu au avut sau au avut foarte puţină zestre de provenienţă Neanderthaliană. în 2016, am analizat ADN-ul ancestral din Orientul Apropiat pentru a arăta că oamenii care au trăit în această regiune cu 14 000 – 10 000 de ani în urmă au aproximativ 50% din moştenirea lor genetică provenită de la eurasiaticii iniţiali, adică de două ori mai mult decât au europenii de astăzi. Reprezentând grafic proporţia de moştenire de la eurasiaticii iniţiali, comparativ cu proporţia de moştenire de la Neanderthalieni, ne-am dat seama că o persoană non-africană are o moştenire genetică de la eurasiaticii iniţiali cu atât mai mică cu atât are o moştenire Neanderthaliană mai mare. Prin urmare, non-africanii, care nu au niciun fel de moştenire de la eurasiaticii iniţiali, au de două ori mai mult ADN Neanderthalian decât cei care au o moştenire de 50% de la eurasiaticii iniţiali. Prin extrapolare, ne putem aştepta ca aceia care sunt 100% eurasiatici iniţiali să nu aibă niciun fel de moştenire Neanderthaliană.[11] Astfel, se pare că oricând ar fi avut loc amestecul cu Neander-thalienii, acesta s-a produs după ce celelalte ramuri ale arborelui familiei non-africane s-au separat de eurasiaticii iniţiali.

O idee tentantă este aceea că eurasiaticii iniţiali ar reprezenta urmaşii celui de-al doilea val de migraţie a oamenilor moderni de la nord de Sahara, cu mult după răspândirea populaţiei care s-a încrucişat cu Neanderthalienii. Totuşi, această idee nu este corectă, deoarece liniile de eurasiaticii iniţiali împărtăşesc mare parte din istoria altor non-

africani, inclusiv descinderea dintr-o aceeaşi populaţie relativ mică, ce a pus bazele tuturor liniilor non-africane, acum mai mult de 50 000 de ani. Prezenta străveche a eurasiaticilor iniţiali în Eurasia devine chiar si mai evidentă atunci când luăm în considerare oamenii care au trăit acum cel puţin 10 000 de ani în aria care reprezintă astăzi Iranul şi Israelul şi care au, cu toţii, în jur de 50% moştenire provenită de la eurasiaticii iniţiali[12], în ciuda dovezilor genetice clare că aceste două populaţii au fost izolate, una de cealaltă, timp de zeci de mii de ani.[13] Acest fapt sugerează posibilitatea că ar fi existat mai multe linii de eurasiatici iniţiali, înalt divergente între ele, care coexistau în Orientul Apropiat şi între care nu au existat multe schimburi migratorii înainte de extinderea agriculturii. Eurasiaticii iniţiali erau o sursă masivă şi distinctă de variaţie genetică umană, cu sub-populaţii multiple, care au persistat o lungă perioadă.

Unde ar fi putut să trăiască eurasiaticii iniţiali izolaţi, precum se pare că au fost, timp de zeci de mii de ani, de celelalte linii non-africane? în lipsa unui ADN ancestral, putem face numai speculaţii. Este posibil să fi trăit în nordul Africii, care era greu de accesat dinspre părţile sudice ale Africii din cauza barierei reprezentate de deşertul Sahara şi care este mult mai legat, din punct de vedere ecologic, de vestul Asiei. Astăzi, populaţiile din nordul Africii îşi datorează cea mai mare parte a moştenirii genetice emigranţilor din vestul Eurasiei, lucru care îngreunează descifrarea trecutului străvechi în această regiune.[14] Cu toate acestea, studiile

arheologice au evidenţiat prezenţa unor culturi străvechi care ar putea, teoretic, să corespundă eurasiaticilor iniţiali. Valea Nilului, de exemplu, a fost ocupată de oameni pe parcursul întregii perioade de când eurasiaticii de astăzi s-au separat de rudele lor cele mai apropiate din Africa Subsahariană.

Un indiciu cu privire la posibilul loc de baştină al eurasiaticilor iniţiali vine de la natufieni, vânător- culegătorii care au trăit acum aproximativ 14 000 de ani, în părţile sud-vestice ale Orientului Apropiat.[15] Ei au fost primii oameni cunoscuţi că ar fi trăit în locuinţe permanente – nu au migrat din loc în loc, în căutarea hranei, în ciuda faptului că erau vânător- culegători. Ei construiau structuri mari din piatră şi se ocupau activ de plantele sălbatice locale, înainte ca urmaşii lor să devină propriu-zis agricultori. Craniile lor, ca şi uneltele de piatră pe care le confecţionau, au o formă asemănătoare cu cele întâlnite la nord-africanii care au trăit cam în acelaşi timp, iar pe baza acestui fapt, s-a sugerat că natufienii au migrat din nordul Africii spre Orientul Apropiat.[16] în 2016, laboratorul meu a publicat ADN- ul ancestral provenit de la şase natufieni din Israel şi am descoperit că aceştia împărtăşesc cu vânător-culegătorii iranieni timpurii cea mai mare proporţie de moştenire genetică eurasiatică iniţială din Orientul Apropiat.[16] Cu toate acestea, datele noastre referitoare la ADN-ul ancestral nu pot preciza unde au trăit strămoşii natufienilor, deoarece nu avem, încă, date comparabile de ADN ancestral

provenit de la nicio altă populaţie care să fi trăit pe atunci sau mai timpuriu, în nordul Africii, în Arabia sau în partea sud-vestică a Orientului Apropiat. Şi chiar dacă legătura genetică dintre natufieni şi nordul Africii este stabilită, asta nu va reprezenta întreaga istorie, deoarece nu poate explica proporţiile la fel de mari de moştenire de la eurasiaticii iniţiali, la vânător-culegătorii ancestrali şi la agricultorii din Iran si Caucaz.

## FANTOMELE EUROPENILOR TIMPURII

Descoperirea, una după alta, de mari populaţii fanto-mă – nord-eurasiaticii ancestrali si eurasiaticii iniţiali – poate să sugereze faptul că ADN-ul ancestral nu este necesar, deoarece existenţa acestor fantome poate fi prezisă pe baza populaţiilor moderne. Dar reconstrucţia statistică nu poate face mai mult de atât. Este dificil să aduci dovezi mai vechi decât cel mai recent eveniment de încrucişare numai cu date provenite de la oamenii de astăzi. în plus, din cauza faptului că oamenii sunt atât de mobili, este imposibil să determini, cu vreo certitudine, unde au trăit aceste populaţii ancestrale, în baza analizei genomurilor urmaşilor lor. Cu ADN-ul ancestral extras direct de la aceste fantome, este posibil să facem proiecţii mai adânci în timp, evidenţiind chiar şi mai multe fantome decât cele care ar putea fi deduse numai din datele provenite de la oamenii moderni. Astfel s-a întâmplat atunci când a fost secvenţiat genomul de la Mal’ta. Descoperisem acest genom Mal’ta prin mijloace statistice, dar atunci când am avut acces la secvenţele reale,

am fost capabili să descoperim şi existenţa eurasiaticilor iniţiali, mai îndepărtaţi în timp.[17]

în 2016, cutia Pandorei s-a deschis larg şi o întreagă bandă de fantome a năvălit afară. Laboratorul meu a asamblat date la nivel de genom de la 51 de oameni moderni străvechi din Eurasia, cei mai mulţi dintre ei provenind din Europa, care au trăit între acum 45 000 si acum 7 000 de ani.[18] Aceste probe acopereau întreaga perioadă a ultimului maxim glaciar – care a avut loc în perioada cuprinsă între 25 000 şi 19 000 de ani în urmă atunci când gheţarii acopereau latitudinile nordice şi medii ale Europei, astfel încât toţi oamenii trăiau în refugii, în peninsulele sudice ale Europei. înaintea studiului nostru, numai câteva rămăşiţe oferiseră date genetice din această perioadă, iar imaginea rezultată din analiza lor era statică şi monocromatică. Dar, cu toate noile noastre datele, am putut arăta că, în decursul acestei largi perioade, au avut loc transformări repetate, înlocuiri, migraţii şi încrucişări ale populaţiilor.

Când analizăm date provenite din ADN-ul ancestral, abordarea obişnuită este aceea de a compara indivizii străvechi cu cei din prezent, încercând să culegem informaţii despre trecut, din perspectiva prezentului. Dar când acest lucru a fost realizat, în laboratorul meu, de către Qiaomei Fu, rezultatele ei au oferit puţine informaţii cu privire la aceşti vânător-culegători ancestrali. Diferenţele dintre oamenii de astăzi sunt puţin relevante pentru cele dintre oamenii care au trăit în Europa, în acele vremuri de demult şi pe care-i studia. Fu a trebuit să

compare datele între ele. Pentru a face acest lucru, ea a început să compare indivizii străvechi unul cu celălalt. Ea i-a plasat în patru grupuri care conţineau multe probe similare atât genetic, cât şi în privinţa datării arheologice. Acum trebuia doar să înţeleagă relaţiile dintre grupuri. Erau, de asemenea, câţiva indivizi care nu se încadrau în niciun grup, mai ales printre probele cu cea mai mare vechime.

Cu probele astfel organizate, Fu a fost capabilă să descifreze istoria primilor 35 000 de ani ai oamenilor moderni din vestul Eurasiei, identificând cel puţin cinci evenimente-cheie.

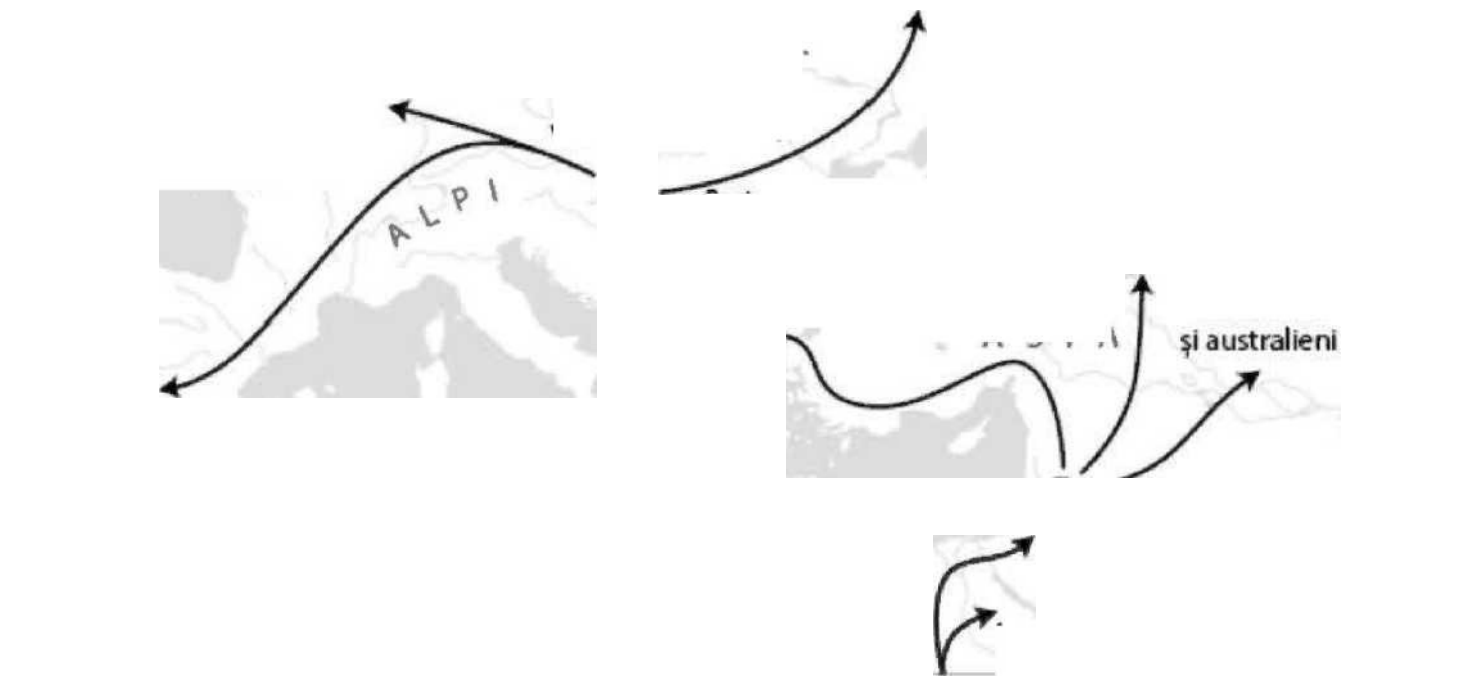
Evenimentul numărul unu a fost răspândirea oamenilor moderni în vestul Eurasiei, fapt evidenţiat de două dintre cele mai vechi probe, un individ în vârstă de aproximativ 45 000 de ani, al cărui os de picior a fost găsit ieşind din malul unui râu din vestul Siberiei[19], şi un individ cu o vechime de aproximativ 40 000 de ani, a cărui mandibulă a fost găsită într-o peşteră din România.[20] Ambii indivizi nu sunt mai îndeaproape înrudiţi cu vânător-culegătorii europeni mai târzii decât sunt cu est-asiaticii din prezent. Această descoperire a arătat că probele aparţineau unor membri ai unor populaţii umane moderne pioniere, care au înflorit iniţial, dar ai căror urmaşi au dispărut, în mare parte, mai târziu. Existenţa acestor populaţii pioniere arată limpede că trecutul nu este un marş inevitabil către prezent. Istoria umană este plină de fundături şi nu ar trebui să ne aşteptăm ca oamenii care au trăit

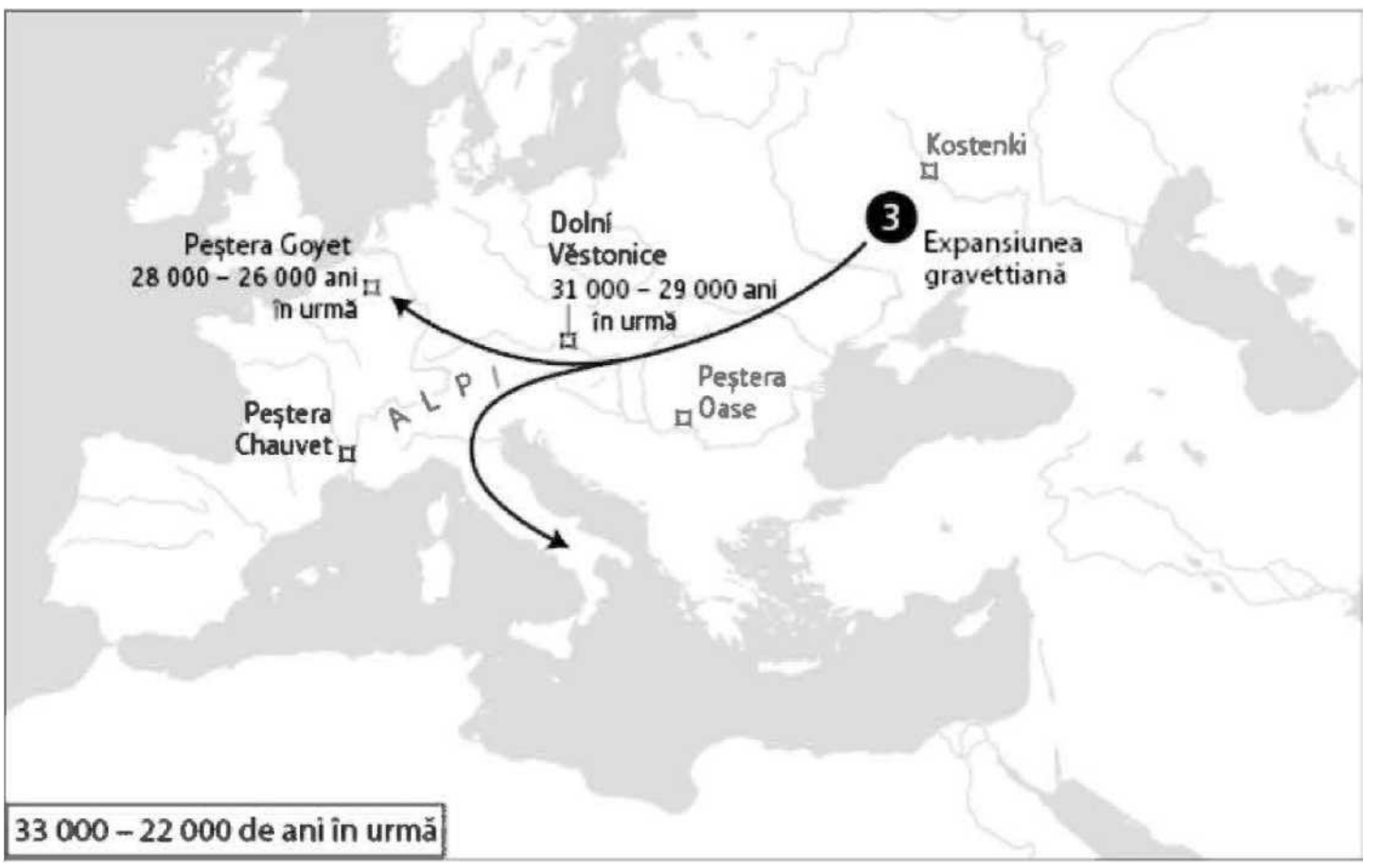
în vreun loc anume, în trecut, să fie strămoşii direcţi ai celor care trăiesc astăzi în acel loc. Acum aproximativ 39 000 de ani, un super-vulcan din apropierea oraşului Neapole de astăzi, din Italia, a împrăştiat aproximativ 300 de $km^3$ de cenuşă peste Europa, separând straturile arheologice pre-existente de cele care s-au format după acest eveniment.[21] Aproape că nu se întâlnesc rămăşiţe sau unelte de-ale Neanderthalienilor deasupra acestui strat, lucru care sugerează că tulburările climatice produse de această erupţie, care au determinat ierni de mai mulţi ani, ar fi putut amplifica competiţia cu oamenii moderni în generarea crizei care a dus la dispariţia Neanderthalienilor. Dar Neanderthalienii nu erau singurii surprinşi de această criză. Cele mai multe culturi umane arheologice, care au lăsat urme sub stratul de cenuşă, nu au mai lăsat niciun fel de urme deasupra stratului. Mulţi oameni moderni au dispărut la fel de dramatic ca şi contemporanii lor Neanderthalieni.[22]

Al doilea eveniment a fost răspândirea genealogiei care a dat naştere tuturor vânător-culegătorilor ulteriori din Europa. Testul celor patru populaţii, realizat de Fu, a arătat că atât rămăşiţele unui individ vechi de aproximativ 37 000 de ani din estul Europei (Rusia europeană de astăzi)[23], cât şi cele ale altuia, în vârstă de aproximativ 35 000 de ani, din vestul Europei (din Belgia de astăzi) erau parte a unei populaţii care a contribuit la apariţia tuturor celorlalţi europeni de mai târziu, inclusiv a celor de astăzi.[24] Fu a folosit, de asemenea, testul

celor patru populaţii pentru a arăta că, pe parcursul întregii perioade cuprinse între acum 37 000 şi acum 14 000 de ani, aproape toţi indivizii din Europa pe care i-a analizat ar putea fi descrişi ca descinzând dintr-o singură populaţie ancestrală comună, care nu a experimentat încrucişări cu alte populaţii non-europene. Arheologii au arătat că după erupţia vulcanică de acum aproximativ 39 000 de ani, în Europa s-a răspândit o cultură umană modernă, în care se confecţionau unelte din piatră de tip aurignacian şi că aceasta a înlocuit stilurile diferite de confecţionare a uneltelor existente anterior.

Astfel, atât dovezile genetice, cât şi cele arheologice subliniază existenţa unor multiple migraţii independente ale pionierilor oamenilor moderni în Europa, dintre care unii au dispărut, iar alţii au fost înlocuiţi de o populaţie cu o cultură mult mai omogenă.



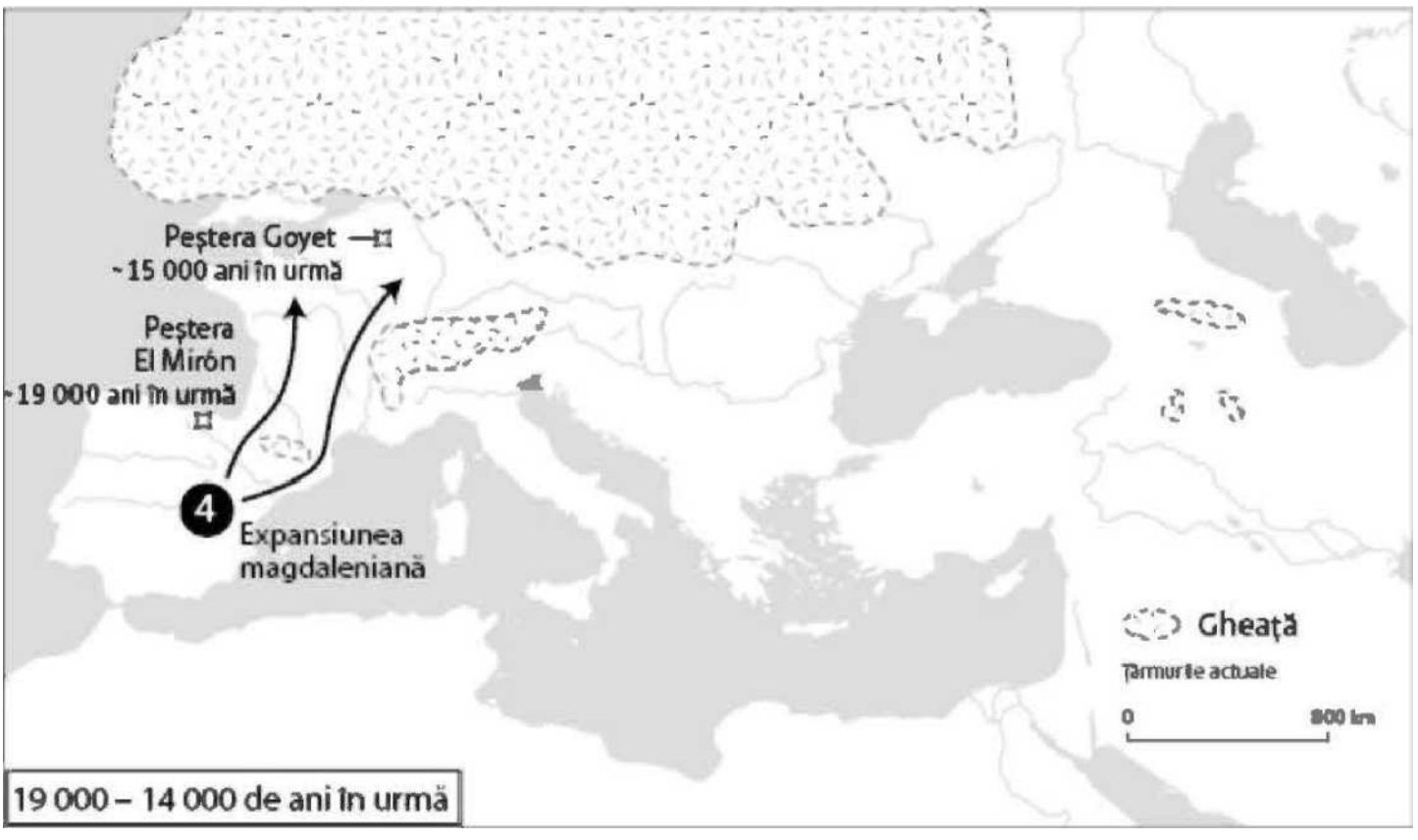



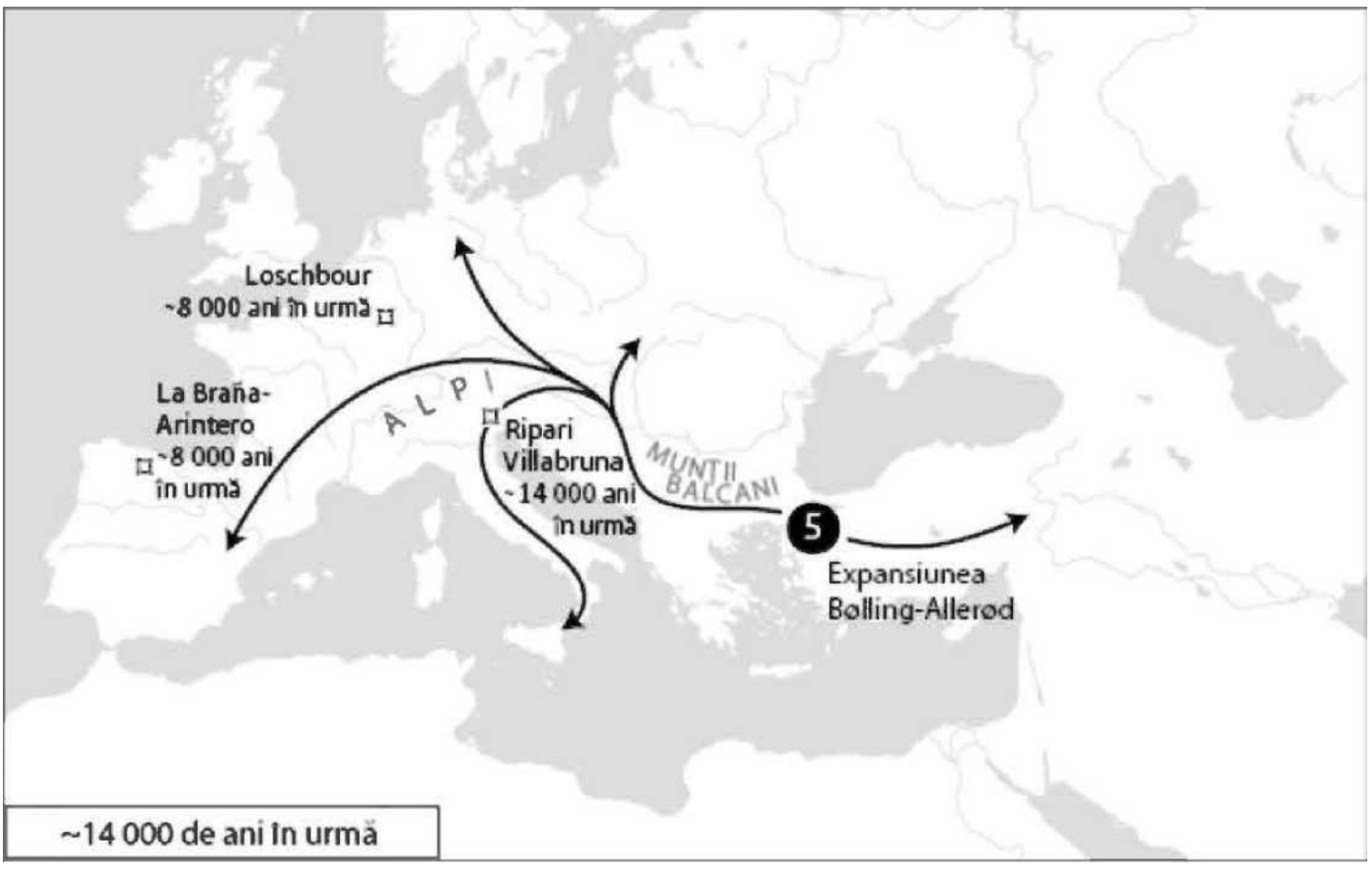

**Cinci mari evenimente din istoria europenilor vânător-culegători**



**Figura 13.** *Migrând din Africa şi din Orientul Apropiat, populaţiile pionierе de oameni moderni s-au răspândit in intreaga Eurasie (1). Cu cel puţin 39 OOO de ani în urmâ, un grup a pus bazele unei linii de europeni vânător-culegători care a dăinuit, în mare parte, fără întreruperi, timp de peste 20 OOO de ani (2). În cele din urmă, grupuri provenite dintr-o ramură estică a acestei populaţii fondatoare de vânător-culegători europeni s-au răspândit către vest (3), înlocuind grupurile anterioare şi au fost, în cele din*

*urmă, la rândul lor, împinse din nordul Europei de expansiunea perioadei glaciare, aşa cum este ilustrată la momentul său de maximum (sus dreapta).*




*Atunci când gheţarii s-au retras, vestul Europei a fost repopulat dinspre sud-vest (4) de o populaţie care a reuşit să supravieţuiască timp de zeci de mii de ani si care se înrudea cu un individ în vârstă de aproximativ 35 OOO de ani, provenit din extremul vestic al Europei. O migraţie umană ulterioară, care a urmat primei perioade de încălzire substanţială, a avut un impact chiar şi mai mare, cu o răspândire dinspre sud-est (5), care nu numai că a transformat populaţia din vestul Europei, dar a şi omogenizat populaţiile Europei şi ale*

*Orientului Apropiat. Faptul că într-un singur sit arheologic – Peştera Goyet, din Belgia – ADN-ul ancestral s-a răspândit pe parcursul a 20 OOO de ani reflectă aceste transformări cu reprezentanţi din perioadele aurigna- ciană, gravettiană şi magdaleniană.*

Al treilea eveniment a fost reprezentat de sosirea oamenilor care confecţionau unelte gravettiene, care au dominat cea mai mare parte a Europei, în perioada cuprinsă între 33 000 şi 22 000 de ani în urmă. Rămăşiţele materiale pe care le-au lăsat în urma lor includ statuete de femei voluptoase, ca şi instrumente muzicale şi uimitoare picturi rupestre. Comparativ cu oamenii care confecţionau unelte aurignaciene, care i-au precedat, oamenii care făceau unelte gravettiene manifestau mult mai multă intenţionalitate în îngroparea inerţilor lor; drept urmare, avem mult mai multe schelete din această perioadă decât din cea aurignaciană. Am extras ADN de la indivizi gravettieni îngropaţi în locuri din Belgia, Italia, Franţa, Germania şi Republica Cehă de astăzi. Aceştia erau cu totii foarte asemănători

genetic, în ciuda răspândirii lor geografice largi. Analizele lui Fu indicau că cea mai mare parte a moştenirii lor provenea dintr-o aceeaşi sub-linie a vânător-culegătorilor europeni ca şi proba de la individul de acum

37 000 de ani, din estul îndepărtat al Europei, şi că s-au răspândit către vest, înlocuindu- i pe locuitorii asociaţi uneltelor aurignaciene şi reprezentaţi de individul belgian de acum 35 000 de ani. Modificările în stilul uneltelor si artefactelor asociate cu dezvoltarea culturii gravettiene au fost deci determinate de răspândirea noilor oameni.

Al patrulea eveniment a fost marcat de un schelet provenit din Spania de astăzi, având o vechime de aproximativ 19 000 de ani – unul dintre primii indivizi cunoscuţi a fi asociaţi culturii magdaleniene, ai cărei membri au migrat în următoarele 5 000 de ani spre nord-est, plecând din adăposturile lor localizate într-o regiune caldă şi urmând retragerea gheţurilor din Franţa şi Germania de astăzi. Datele au arătat, o dată în plus, o corespondenţă între cultura arheologică şi descoperirile genetice, aducând dovezi cu privire la răspândirea oamenilor care nu descindeau direct din gravettieni care i-au precedat, în Europa Centrală. A existat, de asemenea, şi o surpriză: cea mai mare parte a moştenirii indivizilor asociaţi culturii magdaleniene provenea dintr-o sublime reprezentată de individul vechi de 35 000 de ani din Belgia, care a fost asociat cu uneltele aurignaciene şi care avea un ADN

asemănător cu cel al altor europeni asociaţi acestei culturi de origine est-europeană. Aici era vorba şi despre o altă populaţie fantomă care a contribuit la grupurile mai târzii, sub o formă hibridizată. Linia aurignaciană nu a dispărut, ci a persistat în anumite colţuri geografice, posibil în vestul Europei, înainte de renaşterea sa la sfârşitul glaciaţiei.

Al cincilea eveniment s-a petrecut acum aproximativ 14 000 de ani, în cursul primei perioade de încălzire accentuată de după ultima glaciaţie, o schimbare climatică majoră cunoscută sub numele de perioada Bolling-Allerod. Reconstrucţia geologică evidenţiază că, în acea vreme, calota glaciară alpină care se întindea până spre Marea Mediterană, în apropiere de Nisa de astăzi, s-a topit, în cele din urmă, după aproximativ 10 000 de ani de separare a estului şi vestului Europei. Plantele şi animalele din sud-estul Europei (din peninsulele italiană şi balcanică) au migrat din plin către sud-vestul Europei.[25] Testul celor patru populaţii aplicat datelor din ADN-ul nostru ancestral a arătat că ceva asemănător s-a întâmplat şi cu oamenii. Acum aproximativ 14 000 de ani, în Europa s-a răspândit un grup de vânător-culegători cu o moştenire genetică destul de diferită de cea a oamenilor asociaţi culturii magdaleniene

precedente, pe care iau înlocuit în mare parte. Indivizii care trăiau în
Europa între acum 37 000 şi 14 000 de ani descindeau cu toţii, probabil, dintr-o populaţie ancestrală comună, care se separase mai înainte de strămoşii descendenţilor reprezentaţi astăzi în Orientul Apropiat. Dar cu aproximativ 14 000 de ani în urmă, vânător-culegătorii din vestul Europei au devenit mult mai îndeaproape înrudiţi cu populaţia din Orientul Apropiat de astăzi. Acest lucru demonstrează că a avut loc o nouă migraţie între Orientul Apropiat şi Europa în această perioadă.

Nu deţinem încă ADN ancestral de la indivizi din sud-estul Europei şi Orientul Apropiat, dintr-o perioadă mai veche de acum 14 000 de ani. Din acest motiv nu putem decât să presupunem mişcări ale populaţiilor, în jurul acelei date. Oamenii care au aşteptat sfârşitul epocii glaciare în sudul Europei au devenit dominanţi pe întregul continent european, după topirea gheţarilor alpini.[26] Probabil că aceiaşi oameni s-au răspândit şi spre est, în Anatolia, iar urmaşii lor s-au răspândit mai departe, în Orientul Apropiat, aducând laolaltă moştenirile genetice europene şi cele din Orientul Apropiat, cu mai bine de 5 000 de ani înainte ca agricultorii să

răspândească moştenirea genetică a Orientului Apropiat înapoi în Europa, prin migrarea în direcţie opusă.

## ALCĂTUIREA GENETICĂ A VEST-EURASIATICILOR DE ASTĂZI

Astăzi, oamenii din vestul Eurasiei – o regiune vastă, cuprinzând Europa, Orientul Apropiat şi mare parte din Asia Centrală – sunt foarte asemănători din punct de vedere genetic. Asemănările fizice dintre populaţiile vest-eurasiatice au fost recunoscute în secolul al XVIII-lea de savanti care au clasificat populaţia din vestul Eurasiei drept „caucaziană” pentru a o diferenţia de est-asiaticii „mongoloizi”, africanii subsaharieni „negroizi” şi „australoizii” din Australia şi Noua Guinee. în anii 2000, date ale întregului genom au oferit o modalitate, mai puternică decât trăsăturile fizice, de a grupa populaţiile umane de astăzi.

Datele la nivel de genom par, la prima vedere, să valideze unele dintre aceste categorii vechi. Cea mai obişnuită modalitate de a măsura asemănarea genetică dintre două populaţii este aceea de a lua pătratul diferenţei în frecvenţa mutaţiilor dintre ele, şi apoi de a face media între mii de mutaţii independente din cuprinsul genomului, pentru a obţine un număr precis determinat.

Măsurate în acest fel, populaţiile din vestul Eurasiei par să fie de şapte ori mai asemănătoare unele cu altele decât sunt vest-eurasiaticii cu est-asiaticii. Când frecvenţele mutaţiilor sunt reprezentate pe o hartă, Eurasia de Vest pare omogenă, de la capătul atlantic al Europei până la stepele din Asia Centrală. Există un gradient accentuat de modificări în centrul Asiei înainte de a se atinge o altă zonă de omogenitate în estul Asiei.[27]

Cum a apărut structura populaţiei de astăzi din cea care a existat în trecutul îndepărtat? Noi, precum şi cercetătorii din alte laboratoare care studiază ADN-ul ancestral, am descoperit, în 2016, că formarea populaţiei de vest-eurasiatici de astăzi a fost propulsată de răspândirea producătorilor de hrană. Agricultura a început acum 12 000 – 11 000 de ani, în sud-estul Turciei şi în nordul Siriei, acolo unde vânător-culegătorii au început să domesticească multe dintre speciile de plante şi de animale de care vest-eurasiaticii depind chiar şi astăzi, incluzând grâul, orzul, secara, mazărea, vacile, porcii şi oile. Cu aproximativ 9 000 de ani în urmă, agricultura a început să se răspândească spre vest, până în Grecia actuală, şi aproximativ în acelaşi timp a început să se răspândească

spre est, ajungând în Valea Indusului din Pakistanul de astăzi. în interiorul Europei agricultura s-a răspândit către vest, în lungul coastei mediteraneene a Spaniei, şi spre nord-vest, în Germania, în lungul văii Dunării, până a ajuns în Scandinavia, spre nord, şi în Insulele Britanice, spre vest – regiunile cele mai distanţate în care a fost practicat acest tip de economie.

Până în 2016, încercările de a obţine ADN ancestral din Orientul Apropiat, pentru a evalua gradul în care aceste schimbări din sfera arheologică au fost determinate de mişcările oamenilor, au eşuat, deoarece climatul cald din Orientul Apropiat grăbeşte reacţiile chimice, accelerând rata de alterare a ADN- ului. Două descoperiri tehnologice au schimbat însă această stare de fapt. Una provine dintr-o metodă dezvoltată de Matthias Meyer, care implică îmbogăţirea ADN-ului extras din oase străvechi pentru secvenţele umane de interes.[28] Această abordare face analiza ADN-ului ancestral de o mie de ori mai eficientă din punct de vedere al costurilor şi permite accesul la probe care altfel ar conţine prea puţin ADN pentru a putea fi studiate. Lucrând împreună cu Meyer, noi am adaptat această metodă pentru a face posibilă analiza întregului genom dintr-

un mare număr de probe.[29] Al doilea progres tehnologic a fost alimentat de descoperirea că porţiunea urechii interne a craniului – zona cunoscută sub numele de „stânca temporalului” – are o densitate ADN mult mai mare decât oricare altă parte a scheletului, obţinându-se de peste o mie de ori mai mult ADN din fiecare miligram de pudră osoasă. în interiorul stâncii temporalului, antropologul Ron Pinhasi, lucrând la Dublin, a arătat că filonul principal de ADN se găseşte în cohlee, organul în formă de melc al auzului.[30] Analizele ADN- ului ancestral din stânca temporalului, din cursul anilor 2015 şi 2016, au depăşit o barieră după alta şi au făcut posibilă, pentru prima oară, obţinerea de ADN ancestral din călduros Orient Apropiat.

Lucrând împreună cu Pinhasi, am obţinut ADN ancestral de la 44 de indivizi din Orientul Apropiat, din cele mai multe locaţii ale leagănului geografic al agriculturii.[31] Rezultatele au relevat că acum aproximativ 10 000 de ani, pe vremea când agricultura începuse să se răspândească, structura populaţiei vest-eurasiaticilor era departe de a fi o monocultură genetică aşa cum o observăm astăzi. Agricultorii din munţii vestici ai Iranului, care este posibil să fi fost

primii care au domesticit caprele, proveneau genetic, în mod direct, din vânător-culegătorii care i-au precedat. în mod asemănător, primii agricultori din Israelul şi Iordanul de astăzi descindeau în mare parte din vânător-culegătorii natufieni care i-au precedat. Dar aceste două populaţii erau, de asemenea, foarte diferite genetic una de cealaltă. împreună cu un alt grup de cercetare[32], am descoperit că gradul de diferenţiere genetică dintre primii agricultori din partea vestică a Orientului Apropiat (Semiluna Fertilă, incluzând Anatolia şi Levantul) şi primii agricultori din partea estică (Iran) era cam la fel de mare pe cât este diferenţa dintre europenii şi est-asiaticii de astăzi. în Orientul Apropiat, răspândirea agriculturii a fost realizată nu numai prin mişcarea oamenilor, aşa cum s-a întâmplat în Europa, dar şi prin răspândirea unor idei comune printre grupuri foarte diferite genetic.

Marea diferenţiere a populaţiilor umane din Orientul Apropiat de acum 10 000 de ani a reprezentat o situaţie specifică a unui tipar mai larg răspândit în vasta regiune a vestului Eurasiei, documentată de Iosif Lazaridis, care a condus analiza. Analizându-ne datele, el a găsit că, acum aproximativ 10 000 de ani,

existau cel puţin patru populaţii majore în vestul Eurasiei – agricultorii din Semiluna Fertilă, agricultorii din Iran, vânător-culegătorii din centrul şi vestul Europei şi vânător- culegătorii din estul Europei. Toate aceste populaţii erau la fel de diferite una de cealaltă precum sunt europenii de est-asiaticii de astăzi. Dacă ar fi trăit acum 10 000 de ani, savanţii care încercau să stabilească clasificări rasiale, bazate pe originea străveche, ar fi categorisit aceste grupuri drept „rase”, chiar dacă niciunul dintre acestea nu a supravieţuit în formă neamestecată până astăzi.

Impulsionaţi de tehnologia revoluţionară a domesticirii plantelor şi animalelor, care putea să susţină o creştere cu mult mai mare a densităţii populaţiei decât vânatul şi culesul, agricultorii din Orientul Apropiat au început să migreze şi să se amestece cu vecinii lor. Dar în loc ca un grup să le înlocuiască pe toate celelalte şi să le ducă la dispariţie, aşa cum s-a întâmplat în unele dintre răspândirile anterioare ale vânător-culegătorilor în Europa, în Orientul Apropiat toate grupurile care s-au răspândit au contribuit la alcătuirea populaţiilor de mai târziu. Agricultorii din Turcia de astăzi s-au extins în Europa.

Agricultorii din Israelul de astăzi şi din Iordan s-au răspândit în estul Africii, iar zestrea lor genetică este cea mai accentuată în Etiopia zilelor noastre. Agricultorii înrudiţi cu cei din Iranul de astăzi s-au extins în India, ca şi în stepele de la nord de Marea Neagră şi Marea Caspică. Ei s-au amestecat cu populaţiile locale şi au pus bazele unor noi economii bazate pe păşunat, care a permis revoluţiei agricole să se extindă în părţi ale lumii neospitaliere cultivării grânelor. Diferitele populaţii producătoare de hrană s-au amestecat între ele, proces care a fost accelerat de dezvoltările tehnologice din Epoca Bronzului, începută acum aproximativ 5 000 de ani. Asta a însemnat că substructura genetică înaltă care caracterizase înainte Eurasia de Vest s-a diluat, rezultând nivelurile foarte scăzute de diferenţiere genetică din zilele noastre, încă din timpul Epocii Bronzului. Este un exemplu extraordinar al modului în care tehnologia – în acest caz, domesticirea – a contribuit la omogenizarea, nu numai culturală, dar şi genetică. Aceasta arată că ceea ce se întâmplă cu Revoluţia Industrială si revoluţia informatică din vremurile noastre nu reprezintă fenomene unice din istoria speciei noastre.

Fuzionarea acestor populaţii foarte diferite,

care a dus la apariţia vest-eurasiaticilor de astăzi, este foarte evidentă prin ceea ce ar putea fi considerat fenotipul nord-european clasic: ochi albaştri, piele deschisă la culoare, păr blond. Analiza ADN-ului ancestral arată că vânător-culegătorii vest-europeni de acum aproximativ 8 000 de ani aveau ochii albaştri, dar pielea şi părul închise la culoare, o combinaţie care este rară astăzi.[34] Primii agricultori din Europa aveau, în cea mai mare parte, o piele deschisă la culoare, dar un păr închis şi ochi căprui – această piele deschisă la culoare, din Europa, îşi are originea, în mare parte, de la agricultorii migratori.[35] Cel mai timpuriu exemplu cunoscut de european clasic cu o mutaţie pentru păr blond se găseşte la un nord-eurasiatic străvechi din regiunea lacului Baikal, din estul Siberiei, de acum 17 000 de ani.[36] Sutele de mii de copii ale acestei mutaţii întâlnite în centrul şi vestul Europei de astăzi derivă, se pare, dintr-o migraţie masivă în regiune a oamenilor care purtau o moştenire provenită de la vechii nord-eurasiatici, eveniment despre care se va vorbi în următorul capitol.[37]

în mod surprinzător, revoluţia ADN-ului ancestral, prin descoperirea puterii de răspândire a populaţiilor fantomă şi a amestecurilor lor, alimentează o critică a

rasei adusă în discuţie de savantii din trecut, dar niciodată pregnantă din lipsa susţinerii din partea ştiinţei serioase.[38] Prin demonstrarea faptului că liniile de perturbare genetică din vestul Eurasiei, din perioada cuprinsă între acum 10 000 şi acum 4 000 de ani, erau complet diferite de cele de astăzi, revoluţia ADN-ului ancestral a arătat că actualele clasificări nu reflectă unităţi fundamentale „pure” ale biologiei. în schimb, diviziunile de astăzi sunt fenomene recente, care-şi au originea în amestecuri şi migraţii repetate. Descoperirile revoluţiei ADN-ului ancestral sugerează că amestecurile vor continua. Amestecul este fundamental pentru cine suntem şi trebuie să îl acceptăm, nu să îi negăm realitatea.

# Cum au ajuns laolaltă cele trei populaţii ancestrale ale Europei

10 000 – 5 000 de ani in urnă
Liniile devânător-culegăton au rezistat in Europa timp de mu de am după răspândirea

8 800 – 6 000 de ani În urma
Agncultoni se răspândesc in Europa dintr-o sursă venită dm

10 000 de am în

**PERIOADA DE**

Prezen

**4 OOO de ani în**

4 900 – 4 300 de ani in urmă
Oamenii cu descendenţa în stepă înlocuiesc aproximativ
70% din populaţia central-europeană

>3 500 de ani in urma Un al doilea val de migratori dm Anatolia îşi lasă amprenta numai in Grecia

~5 000 de ani în urma
Cultura păsunatului Yamnaya se răspândeşte peste stepa ponto-

5 000-4000 de ani în urma
Se construieşte Stonehenge, unul dintre mani megaliţi din Europa

4 500 – 4 200 de ani În urma
Oamenii cu descendenţa m stepă înlocuiesc aproximativ 90%
din populaţia Angliei

4 500 – 4 000 de ani În urma
Oamenii cu descendenţa
în stepă înlocuiesc aproximativ 30%
din populaţia ibencă

5 500 – 3 000 de am în urma

# CAPITOLUL 5

# FĂURIREA EUROPEI MODERNE

## STRANIA SARDINIE

În 2009, geneticienii conduşi de Joachim Burger au secvenţial porţiuni de ADN mitocondrial de la vânător-culegători europeni ancestrali şi de la unii dintre agricultorii timpurii din Europa.[1] Deşi ADN-ul mitocondrial este de sute de mii de ori mai scurt decât restul genomului, conţine suficient de multă variaţie pentru a permite categorisirea oamenilor din lume în tipuri distincte. Aproape toţi vânător- culegători ancestrali purtau un set de tipuri de ADN mitocondrial. Dar agricultorii care i-au succedat nu deţineau mai mult de câteva procente din aceste tipuri, iar ADN-ul lor era mai asemănător cu cel întâlnit în zilele noastre în sudul Europei şi în Orientul Apropiat. Era limpede că agricultorii

proveneau dintr-o populaţie care nu a descins din vânător-culegătorii europeni.

Totuşi, ADN-ul mitocondrial reprezintă numai o mică porţiune din genom, iar studiile asupra întregului genom, care au urmat, au oferit rezultate ciudate. în 2012, o echipă de geneticieni a secvenţiat genomul lui „Iceman” (Otzi; omul gheţarilor), o mumie naturală datând de acum aproximativ 5 300 de ani, care a fost descoperită în 1991, într-un gheţar în curs de topire din Alpi.[2] Frigul i-a conservat corpul şi îmbrăcămintea, oferind un instantaneu viu a ceea ce, în mod evident, a fost o cultură extraordinar de complexă datând cu mii de ani înainte de inventarea scrisului. Pielea sa era acoperită cu zeci de tatuaje, purta o pelerină împletită din ierburi şi o încălţăminte cusută cu migală. Purta un topor cu lamă de cupru şi o tolbă cu cele necesare pentru a face focul. Un vârf de săgeată din umăr şi o arteră sfâşiată indicau că fusese rănit si că s-a târât către o trecătoare, înainte de a muri. Bazându-ne pe informaţiile furnizate de izotopii unor elemente precum stronţiu, plumb şi oxigen din smalţul dinţilor, se pare că acest om a

trăit într-o vale din apropiere, unde izotopii (conţinuţi în pânza freatică sau derivaţi din rocile locale) aveau aceeaşi proporţie.[3] Dar datele din ADN-ul ancestral au arătat că rudele sale cele mai apropiate nu se numără printre persoanele care trăiesc astăzi în această zonă a Alpilor. în schimb, rudele cele mai apropiate sunt oamenii de astăzi din Sardinia, o insulă din Marea Mediterană.

Această stranie legătură cu sarzii de astăzi a continuat să apară. în acelaşi an în care a fost publicat genomul lui Otzi, Pontus Skoglund, Mattias Jakobsson şi colegii lor de la Universitatea Uppsala au publicat patru secvenţieri de genom provenit de la indivizi care au trăit acum aproximativ 5 000 de ani în Suedia.[4] Teoria predominantă existentă înainte de apariţia studiului, era că vânător-culegătorii suedezi, care au trăit pe atunci, descindeau din agricultori care au adoptat un stil de viaţă de vânător-culegători, pentru a exploata apele bogate în peşte ale Mării Baltice şi nu proveneau direct din vânător-culegătorii care trăiseră în nordul Europei (inclusiv în Suedia) cu câteva mii de ani înainte. Dar ADN-ul ancestral a contrazis

această teorie. în loc să fie apropiaţi genetic unii de alţii, agricultorii şi vânător-culegătorii erau aproape la fel de diferiţi precum sunt europenii de est-asiaticii de astăzi. Şi, încă o dată în plus, agricultorii aveau această ciudată legătură cu sarzii.

Skoglund şi Jakobsson au propus un nou model pentru explicarea acestor descoperiri – agricultorii care au migrat şi ai căror strămoşi proveneau din Orientul Apropiat s-ar fi răspândit în Europa, având amestecuri reduse cu vânător-culegătorii cu care s-au întâlnit în drum, o diferenţă semnificativă fată de modelul lui Cavalli-Sforza, referitor la expansiunea agricultorilor în Europa, care fusese popular până acum si care susţinea că au avut loc amestecuri intense şi interacţiuni ample cu vânător-culegătorii în timpul expansiunii.[5] Noul model nu numai că explica diferenţa genetică şocantă dintre vânător-culegătorii şi agricultorii din Suedia de acum circa 5 000 de ani. El explica, de asemenea, şi din ce cauză agricultorii ancestrali erau asemănători genetic cu sarzii de astăzi, care, în mod plauzibil, provin din migrarea agricultorilor în această insulă, acum

aproximativ 8 000 de ani, unde i-au înlocuit, în mare măsură, pe vânător-culegători de acolo. Izolaţi în Sardinia, urmaşii acestor agricultori erau foarte puţin afectaţi de evenimentele demografice care au transformat mai târziu populaţiile din Europa continentală. Până aici toate bune – acest nou model explica compoziţia genetică a celor mai mulţi europeni de până acum aproximativ 5 000 de ani. Dar Skoglund şi Jakobsson au mers mai departe sugerând că aceste două surse – vânător-culegători şi agricultorii – este posibil să fi contribuit la aproape întreaga moştenire a europenilor de astăzi. în acest punct, ei au omis un detaliu extraordinar de important.

## UN NOR LA ORIZONT

în 2012, se părea că marea problemă a originilor ancestrale ale populaţiilor europene de astăzi poate fi rezolvată. Dar exista o observaţie care nu se potrivea.

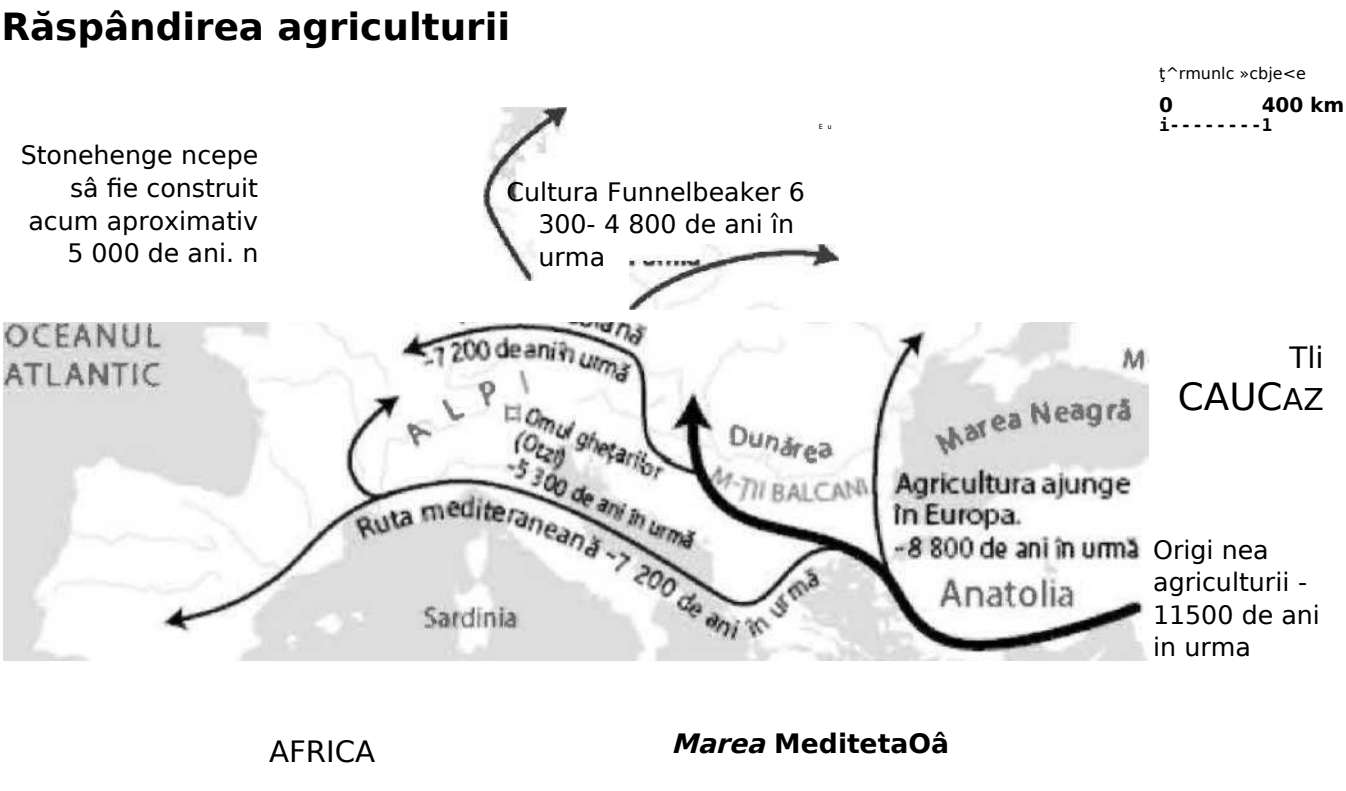



**Figura 14a.** *Arheologia şi lingvistica oferă dovezi ale unei transformări profunde a culturii umane. Dovezile arheologice arată că agricultura s-a extins din Orientul Apropiat până in nord-vestul îndepărtat al Europei într-o perioadă cuprinsă între 11 500 şi 5 500 de ani în urmă, transformând economiile din regiunea respectivă.*

în acel an, Nick Patterson a publicat un rezultat uimitor folosind testul celor trei populaţii. După cum am descris în capitolul anterior, el arătase că frecvenţele mutaţiilor din nordul Europei de astăzi tind să fie intermediare între cele ale europenilor sudici si cele ale nativilor americani. El emisese ipoteza că aceste rezultate ar putea fi explicate prin existenţa unei „populaţii fantomă” – nord-eurasiaticii ancestrali – care se răspândise în nordul Eurasiei acum mai bine de 50 000 de ani si care contribuise atât la populaţia care a migrat pe traseul podului terestru Bering dând naştere oamenilor din Americi, cât şi la genomul nord-europenilor.[6] Un an mai târziu, Eske Willerslev şi colegii săi au obţinut o probă de ADN ancestral din Siberia – individul din Mal’ta al cărui schelet datează de acum aproximativ 24 000 de ani şi care se potrivea cu cel al ipoteticilor nord-eurasiatici ancestrali.[7]

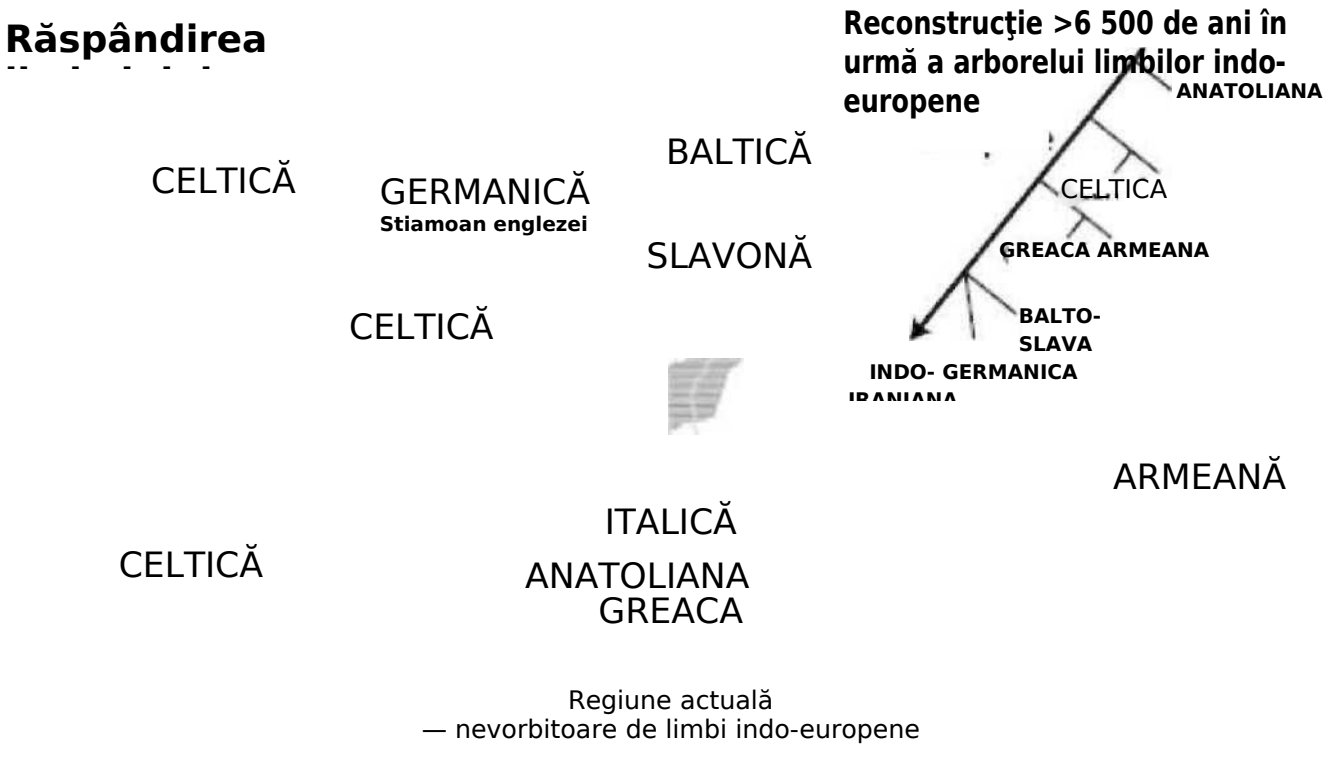



***Figura 14b.*** *Limbile europene sunt, aproape toate, parte a familiei de limbi indo-europene care provin dintr-o limbă ancestrală comună, de acum aproximativ 6 500 de ani (Harta arată distribuţia pre-romană a limbilor indo-europene)*

Cum ar putea fi reconciliată descoperirea unei contribuţii a nord-eurasiaticilor ancestrali la genomul nord-europenilor de astăzi cu amestecul bidirecţional al vânător-culegătorilor indigeni europeni cu agricultorii sosiţi din Anatolia, aşa după cum s-a demonstrat, în mod direct, din studiile asupra ADN-ului ancestral? Diagrama a devenit şi mai incredibilă atunci când noi, precum şi alţi cercetători am obţinut probe suplimentare de ADN ancestral de la vânător-culegători şi agricultori, datând dintr-o perioadă cuprinsă între 8 000 şi 5 000 de ani în urmă, şi am descoperit că se potrivesc cu modelul amestecului bidirecţional, neexistând nicio dovadă a vreunei moşteniri din partea nord-eurasiaticilor ancestrali.[8] Ceva profund trebuie că s-a petrecut mai târziu – un nou val de emigranţi trebuie să fi sosit, introducând moştenirea genetică a nord- eurasiaticilor ancestrali şi transformând Europa.

în 2014-2015, comunitatea cercetătorilor în domeniul ADN-ului ancestral si mai ales cercetătorii din laboratorul meu au publicat date provenite de la peste 200 de europeni ancestrali din Germania, Spania, Ungaria, stepa din estul îndepărtat al Europei şi primii agricultori din Anatolia.[9] Comparând indivizii ancestrali cu oamenii vest-eurasiatici de astăzi, Iosif Lazaridis, cercetător care lucra în laboratorul meu, a fost în stare să-şi dea seama cum anume a pătruns moştenirea nord-eurasiatică ancestrală în Europa în ultimii 5 000 de ani.

Abordarea noastră iniţială a fost în sensul analizei componentelor principale, care poate identifica combinaţii de frecvente ale

mutaţiilor care sunt cele mai eficiente în găsirea diferenţelor dintre probe. în acest demers, am beneficiat de datele noastre, cu o rezoluţie extraordinară, de la nivelul a aproximativ 600 000 de locaţii variabile din genom, de aproximativ 10 000 de ori mai multe locaţii decât a putut Cavalli-Sforza să analizeze în cartea sa din 1994.[10] în timp ce Cavalli-Sforza a încercat să-şi dea seama de rezumatele componentelor principale ale variaţiilor genetice prin proiectarea valorilor lor pe o hartă a lumii, noi am putut face cu mult mai mult. Am proiectat câte un singur punct pentru fiecare individ, în funcţie de locul în care apărea a fi înrudit cu cele două componente principale. Pe diagrama de dispersie pe care am obţinut-o pentru aproape 800 de vest-eurasiatici de astăzi, au apărut două linii paralele: cea din stânga conţinând aproape toţi europenii şi cea din dreapta conţinând aproape toţi indivizii din Orientul Apropiat, cu o distanţă clară între ele. Plasând toate probele străvechi pe aceeaşi diagramă, am putut urmări felul în care poziţiile lor se schimbă în timp, iar ultimii 8 000 de ani de istorie a Europei s-au desfăşurat sub ochii noştri, oferindu- ne o filmare cu încetinitorul a modului în care s-au format europenii de astăzi din populaţii care aveau puţină asemănare genetică cu cei mai mulţi europeni care trăiesc astăzi.[11]

Primii sunt vânător-culegătorii care proveneau ei înşişi dintr-o serie de transformări ale populaţiei, pe parcursul a 35 000 de ani anteriori, aşa cum am descris în

ultimul capitol, cea mai recentă transformare, de acum aproximativ 14 000 de ani,- fiind datorată unei răspândiri masive a oamenilor din sud-estul Europei, care au înlocuit mare parte din populaţia stabilită anterior.[12] în analiza componentelor principale, vânător-culegătorii care au trăit în Europa la acea dată se plasează dincolo de europenii de astăzi, în lungul unei axe care măsoară diferenţa dintre Europa şi Orientul Apropiat. Această constatare se potriveşte cu faptul că aceştia au contribuit la moştenirea genetică a europenilor, dar nu şi la cea a locuitorilor Orientului Apropiat de astăzi.

în al doilea rând au venit primii agricultori, care au trăit în perioada cuprinsă între 8 800 şi 4 500 de ani în urmă, în Germania, Spania, Ungaria şi Anatolia. Agricultorii ancestrali din toate aceste locaţii erau asemănători genetic cu sarzii de astăzi, fapt care arată că o populaţie pionieră de agricultori a ajuns în Grecia, venind probabil din Anatolia, şi apoi s-au răspândit în Iberia, în vest, şi în Germania, în nord, având cel puţin 90% din ADN provenind de la o sursă migratoare, ceea ce înseamnă că s-au amestecat cel mai puţin cu vânător-culegătorii întâlniţi în drumul lor. Investigaţii ulterioare au arătat totuşi că lucrurile nu au fost atât de simple. De asemenea, am descoperit că agricultorii din Peloponez, în sudul Greciei, care au trăit acum aproximativ 6 000 de ani, este posibil să fi provenit, parţial, dintr-o populaţie sursă diferită, din Anatolia – o populaţie care descindea în mai mare măsură din populaţiile înrudite cu iranienii decât fermierii din vestul

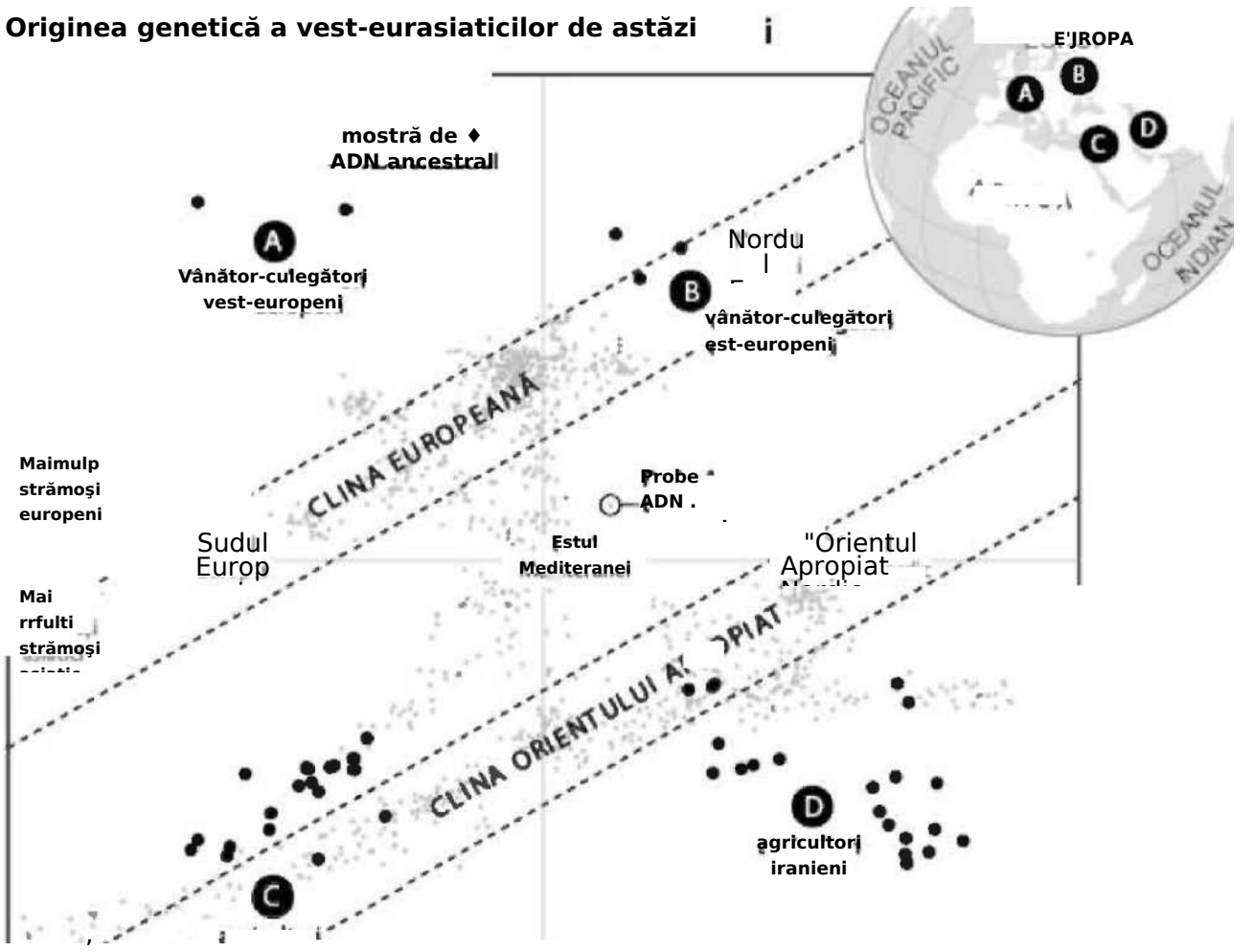
Anatoliei, care se pare că au reprezentat o sursă pentru restul agricultorilor din Europa.[13] în Europa, agricultura s-a practicat pentru prima dată în Peloponez şi în insula Creta, de către oameni care nu se ocupau cu olăritul. Acest lucru i-a făcut pe unii arheologi să se întrebe dacă nu cumva proveneau dintr-o altă migraţie.[14] ADN-ul nostru ancestral este în concordanţă cu această idee şi sugerează posibilitatea ca această populaţie să fi continuat să existe timp de mii de ani.

în al treilea rând, am identificat o nouă evoluţie a stilului de viaţă al agricultorilor în perioada cuprinsă între acum 6 000 si 4 500 de ani. La multi dintre

aceşti agricultori de mai târziu, am observat o schimbare către o moştenire genetică suplimentară de aproximativ 20% provenită de la vânător- culegători şi care nu era prezentă la agricultorii timpurii, fapt care implică începutul amestecului genetic între populaţii stabilite anterior şi nou-veniţi, cu o întârziere de cam două mii de ani.[15]

Cum au coexistat culturile agricultorilor şi vânător- culegătorilor? Unele indicii vin de la cultura Funnelbeaker (cultura „vaselor cu gât în formă de pâlnie”, TRB, n. tr.), care este numită aşa după vasele de lut decorate, vechi de aproximativ 6 300 de ani, plasate în morminte. Cultura Funnelbeaker a apărut într-o fâşie de pământ situată la câteva sute de kilometri de Marea Baltică, care nu fusese atinsă de primul val de agricultori, probabil din cauză că metodele lor nu erau perfecţionate pentru solurile dure din nordul Europei. Protejaţi de fortăreaţa mediului lor

dificil de cultivat si susţinuţi de resursele de peşte şi vânat din Europa baltică, vânător-culegătorii nordici au avut nevoie de mai mult de 1 000 de ani ca să se adapteze la provocarea reprezentată de agricultură. Ei au adoptat animale domestice şi mai apoi şi cereale de la vecinii lor din sud, dar au păstrat multe elemente ale modului lor tradiţional de viaţă, caracteristic vânător-culegătorilor. Oamenii culturii TRB se numărau printre cei care au construit megaliţii, morminte colective făcute din pietre atât de mari, încât era nevoie de zeci de oameni pentru a le mişca din loc. Arheologul Colin Renfrew a sugerat că ridicarea megaliţilor ar putea fi o reflectare directă a acestei graniţe dintre agricultorii din sud şi vânător- culegătorii transformaţi în agricultori – o modalitate de a marca teritoriul prin care o cultură şi o populaţie se separa de celelalte.[16] Datele genetice ar putea să conţină dovezi ale acestei interacţiuni, având în vedere că a existat un val cert de noi migratori în această populaţie amestecată. între acum 6 000 şi 5 000 de ani, cea mai mare parte a bazei genetice din nord a fost depăşită de moştenirea genetică a agricultorilor, iar acest amestec dintre o cantitate modestă de moştenire provenită de la vânător- culegători şi o cantitate mare de moştenire genetică provenită de la agricultorii anatolieni – într-o populaţie care a reţinut elementele-cheie ale culturii vânător-culegătorilor – este ceea ce i-a caracterizat pe producătorii de vase TBR şi pe mulţi alţi europeni contemporani.



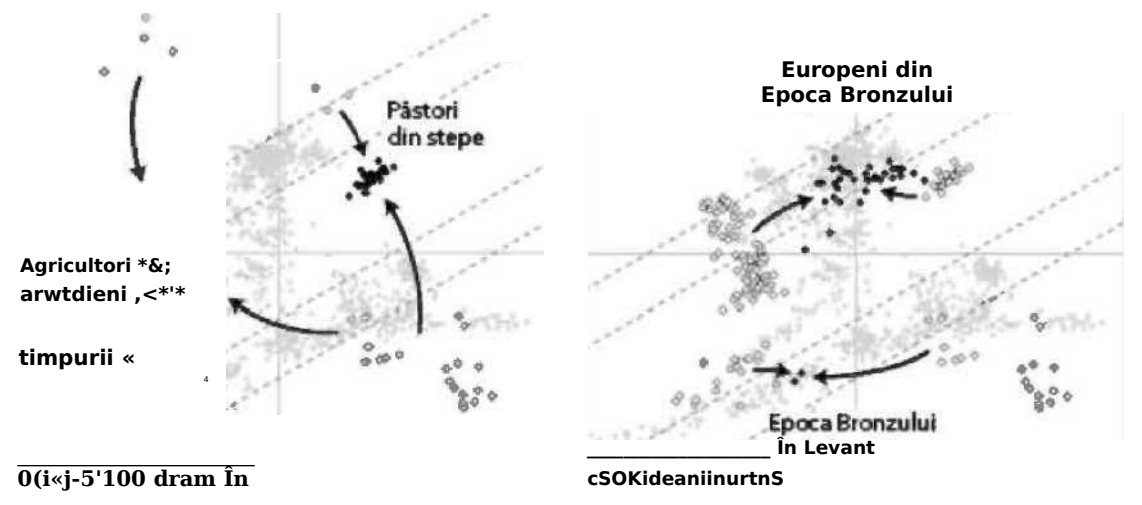




**Figura 15.** *Această diagramă ilustrează o analiză statistică a gradienţilor primari ai variaţiei genetice la oamenii de astăzi (punctelegri) şi la vest- eurasiaticii ancestrali (puncte negre şi deschise). Cu 10 OOO de ani în urmă, vestul Eurasiei era căminul a patru populaţii, la fel de deosebite între ele cum sunt, în prezent, europenii faţă de est-asiatici. Agricultorii din Europa şi din vestul Anatoliei, din perioada cuprinsă intre acum 9 OOO şi 5 OOO de ani, erau un amestec de vânător-culegători din vestul Europei (A), agricultori din Levant (C) şi agricultori iranieni (D). În acelaşi timp, păstorii din nordul stepelor din apropierea Mării Negre şi a Mării Caspice, de acum 5 000 de ani, erau un amestec de vânător-culegători est-europeni (B) şi de agricultori iranieni (D). în Epoca Bronzului, aceste populaţii mixate s-au încrucişat între ele, fonnând populaţii cu o moştenire genetică asemănătoare cu cea a oamenilor de astăzi.*

Europa a atins un nou echilibru. Vânător-culegătorii neamestecaţi cu alte populaţii au dispărut, persistând numai în zone izolate, precum insulele din sudul Suediei. în sud-estul Europei, o populaţie de agricultori

sedentarizată a dezvoltat societăţile cele mai stratificate social de până atunci şi ritualuri care, după cum a arătat arheologul Marija Gimbutas, a plasat femeile într-o poziţie centrală – o distanţă mare faţă de ritualurile centrate pe bărbaţi, care au urmat.[17] în îndepărtata Britanie, constructorii de megaliţi munceau din greu la ceea ce a devenit cel mai mare monument creat de om pe care l-a văzut omenirea vreodată: stâncile erecte de la Stonehenge, care au devenit un loc naţional de pelerinaj, după cum s-a văzut din bunurile aduse din colturi îndepărtate ale Britaniei. Oameni precum cei de la Stonehenge le-au construit temple măreţe zeilor lor şi morminte pentru morţii lor şi nu aveau de unde să ştie că, peste câteva sute de ani, urmaşii lor vor dispărea şi pământurile lor vor fi invadate. Faptul extraordinar care se desprinde din ADN-ul ancestral este acela că, numai cu 5 000 de ani în urmă, oamenii care sunt acum strămoşii primari ai tuturor nord- europenilor dispăruţi încă nu ajunseseră aici.

## MAREEA DINSPRE EST

Păşunile stepei se întind pe aproximativ 8 000 de kilometri, din centrul Europei până în China. Dovezile arheologice demonstrează că, înainte cu 5 000 de ani, aproape nimeni nu locuia departe de văile râurilor din stepă, deoarece între aceste zone exista puţină ploaie care să susţină agricultura şi prea puţine surse de apă pentru a susţine supravieţuirea vitelor. Treimea europeană a stepei era un amestec de culturi locale, fiecare cu stilul ei propriu de olărit,

răspândite modest, în zone unde se putea găsi apa.[18]

Această situaţie s-a schimbat odată cu apariţia culturii Yamnaya, acum aproximativ 5 000 de ani, a cărei economie se baza pe creşterea vitelor şi a oilor. Populaţia Yamnaya a provenit din culturi anterioare, localizate în stepă şi la periferia acesteia, şi exploata resursele stepei cu mult mai bine decât înaintaşii săi. Ea s-a răspândit pe o suprafaţă vastă, cuprinsă între Ungaria, în Europa, şi poalele munţilor Altai, în Asia Centrală, şi, în multe locuri, a înlocuit populaţiile risipite care au precedat-o cu una cu un mod de trai mai omogen.

Una dintre invenţiile care a condus la răspândirea culturii Yamnaya a fost roata, a cărei origine geografică nu este cunoscută, deoarece, odată apărută – cu cel puţin câteva sute de ani înainte de dezvoltarea culturii Yamnaya –, s-a răspândit în cuprinsul Eurasiei, ca un incendiu. Carele purtate pe roţi este foarte posibil să fi fost adoptate de Yamnaya de la vecinii lor din sud: cultura Maikop, din regiunea Caucazului dintre Marea Neagră şi Marea Caspică. Pentru Maikop, ca şi pentru multe alte culturi din Eurasia, roata a fost extraordinar de importantă. Dar pentru oamenii din stepă, a fost mai importantă decât orice altceva, deoarece a făcut posibilă o economie şi o cultură complet noi. Prin înhămarea animalelor la care, oamenii Yamnaya puteau să aducă cu ei apă şi provizii în mijlocul stepei deschise şi să exploateze vastele pământuri care le fuseseră, înainte, inaccesibile.

Profitând de o altă inovaţie de-a lor – calul, care fusese recent domesticit în partea mai estică a stepei şi care făcea mai eficientă supravegherea vitelor, deoarece un singur călăreţ putea să mâne un număr mult mai mare de animale decât ar fi putut să o facă o persoană umblând pe jos -Yamnaya au devenit cu mult mai productivi.[19]

Profunda transformare a culturii, care a început cu populaţia Yamnaya, este evidentă multor arheologi care lucrează în zona stepei. Creşterea intensităţii folosirii stepei de către oameni a coincis cu dispariţia aproape completă a aşezărilor permanente – aproape toate structurile pe care Yamnaya le lăsa în urmă erau morminte, movile uriaşe de pământ numite gorgani (kurgan în 1b. rusă şi 1b. turcă, n. tr.). Uneori omenii erau îngropaţi în gorgani împreună cu care şi cai, subliniind importanţa cailor în stilul lor de viaţă. Roata şi calul au modificat atât de profund economia, încât au dus la abandonarea vieţii în sate. Oamenii trăiau în permanentă mişcare, o versiune străveche a locuinţelor mobile.

înainte de explozia datelor furnizate de ADN-ul ancestral, în 2015, cei mai mulţi arheologi considerau de neconceput ca modificările genetice asociate cu răspândirea culturii Yamnaya să poată fi la fel de dramatice ca şi modificările arheologice. Chiar şi arheologul David Anthony, un susţinător de marcă al ideii că răspândirea culturii Yamnaya a fost transformatoare pentru istoria Eurasiei, nu a îndrăznit să sugereze că această răspândire ar fi fost

provocată de o migraţie în masă. în schimb, el considera că cele mai multe aspecte ale culturii Yamnaya s-au răspândit prin imitaţie şi prozelitism.[20]

Dar genetica a arătat altceva. Analizele noastre asupra ADN-ului Yamnaya – conduse de Iosif Lazaridis, în laboratorul meu – au arătat că aceştia posedau o combinaţie de moşteniri genetice care nu mai existaseră înainte în Europa Centrală. Yamnaya erau ingredientul lipsă, care deţinea exact tipul de zestre genetică necesar a fi adăugat agricultorilor europeni timpurii şi vânător-culegătorilor pentru a produce populaţii cu amestecul de gene observat în Europa de astăzi.[21] De asemenea, datele noastre despre ADN-ul ancestral ne-au permis să aflăm cum s-au format cei din cultura Yamnaya din populaţiile mai timpurii. în perioada cuprinsă între 7 000 şi 5 000 de ani, am observat un influx constant, în stepă, al unei populaţii ai cărei strămoşi proveneau din sud – şi care prezentau o afinitate genetică cu populaţia străveche si actuală din Armenia si Iran – care, în cele din urmă, s-a concretizat în populaţia Yamnaya, care avea o zestre genetică provenită din aceste două surse în raport de 1:1,[22] 0 presupunere logică este că migraţia s-a desfăşurat prin istmul caucazian dintre Marea Neagră şi Marea Caspică. Datele referitoare la ADN-ul ancestral, obţinute de Wolfgang Haak, Johannes Krause şi colegii lor, au arătat că populaţiile din nordul Caucazului aveau o moştenire genetică de acest tip, continuată până în timpul culturii Maikop, care a precedat îndeaproape cultura

Yamnaya.

Ţinând cont de influenţele culturale pe care populaţia Maikop le-a avut asupra culturii Yamnaya, dovada că Maikop sau populaţia care le-a urmat, în Caucaz, a avut o contribuţie genetică la cultura Yamnaya nu este surprinzătoare. Nu numai că Maikop a transmis celor din cultura Yamnaya tehnologia carelor, dar au fost şi primii care au construit gorganii care au caracterizat culturile din stepă, timp de mii de ani după aceea. Pătrunderea dinspre sud a teritoriilor Maikop de către strămoşii iranienilor şi armenilor e plauzibilă şi din perspectiva studiilor care arată că artefactele Maikop au fost puternic influenţate din sud de elemente ale civilizaţiei Uruk din Mesopotamia – care dispunea de puţine resurse de metal şi care se ocupa cu negoţul şi schimbul de produse cu nordul, după cum arată obiectele Uruk găsite în aşezările din nordul Caucazului.[23] Oricare ar fi fost procesul cultural prin care oamenii din sud au ajuns să aibă un asemenea impact demografic, odată ce cultura Yamnaya s-a format, urmaşii acesteia s-au răspândit în toate direcţiile.[24]

## CUM A AJUNS STEPA ÎN EUROPA CENTRALĂ

în ajunul sosirii strămoşilor din stepă, acum aproximativ 5 000 de ani, moştenirea genetică a oamenilor care trăiau în Europa Centrală provenea, în mare parte, de la primii agricultori care au sosit din Anatolia, cu circa 9 000 de ani în urmă, cu o contribuţie minoră din partea vânător-culegâtorilor europeni

indigeni, care s-au încrucişat cu ei. în estul îndepărtat al Europei, cam tot acum 5 000 de ani, structura genetică a populaţiei Yamnaya reflecta un amestec diferit de moşteniri genetice: o populaţie înrudită cu cea iraniană, împreună cu o populaţie est-europeană de vânător-culegători, în proporţii aproximativ egale. Nu se produsese, încă, amestecul dintre populaţia de agricultori europeni şi grupurile din stepă înrudite cu Yamnaya.

Impactul genetic al moştenirii genetice provenite din stepă asupra Europei Centrale, s-a materializat sub forma unor oameni care erau parte a unei culturi străvechi, numită de arheologi „cultura ceramicii cordate", nume care provine de la vasele lor de lut, decorate prin amprentarea cu şnururi în lutul moale, începând de acum 4 900 de ani, artefactele caracteristice culturii ceramicii cordate au început să se răspândească amplu, din Elveţia până în Rusia europeană. Datele ADN-ului ancestral au arătat că, începând cu această cultură a ceramicii cordate, au apărut pentru prima oară, în Europa, indivizii cu o moştenire genetică asemănătoare celei a europenilor de astăzi.[25] Nick Patterson, Iosif Lazaridis şi cu mine am dezvoltat noi metode statistice care ne-au permis să estimăm că oamenii îngropaţi cu vase specifice culturii ceramicii cordate, în Germania, deţineau cam trei sferturi din zestrea lor genetică de la grupurile înrudite cu Yamnaya şi restul de la oameni înrudiţi cu agricultorii care locuiseră anterior în regiunea respectivă. Moştenirea genetică din stepă a rezistat, fiind întâlnită în toate culturile ulterioare ale nordului Europei, ca şi la europenii nordici de astăzi.

Datele genetice au condus la o lungă dispută, în arheologie, cu privire la legăturile dintre culturile ceramicii cordate şi Yamnaya. Cele două prezentau multe paralele şocante, cum ar fi construcţia de morminte mari sub formă de movile, exploatarea intensă a cailor şi a vitelor şi o cultură surprinzător de centrată pe bărbat, care celebra violenţa, după cum se reflectă din marile buzdugane (sau baroase) îngropate în multe morminte. în acelaşi timp, existau diferenţe profunde între cele două culturi, reflectate mai ales prin tipurile complet diferite de oale de lut confecţionate, cu elemente importante ale stilului ceramicii cordate adaptate din celelalte stiluri de olărit anterioare, din Europa Centrală. Dar genetica a arătat că legătura dintre cultura ceramicii cordate şi cultura Yamnaya reflecta mişcări majore de populaţii. Făuritorii culturii ceramicii cordate au fost, cel puţin din punct de vedere genetic, o răspândire către vest a culturii Yamnaya.

Descoperirea că pătrunderea culturii ceramicii cordate în Europa Centrală a reflectat o migraţie în masă a oamenilor dinspre stepă nu a fost doar o simplă constatare academică sterilă. Avea rezonanţe politice şi istorice. La începutul secolului XX, arheologul german Gustaf Kossinna a fost printre primii cercetători care au exprimat ideea că acele culturi din trecut, care s-au răspândit pe suprafeţe geografice mari, pot fi recunoscute prin asemănările în stilul artefactelor pe care le-au lăsat în urmă. De asemenea, el a mers mai departe, considerând culturile identificate arheologic ca fiind

sinonime cu oamenii şi a lansat ideea că răspândirea culturii materiale ar putea fi folosită pentru trasarea migraţiilor străvechi, o abordare pe care a denumit-o „siedlungsarchăologische Methode” sau „arheologia aşezărilor”. Bazându-se pe suprapunerea distribuţiei geografice a culturii ceramicii cordate cu locurile în care se vorbeşte limba germană, Kossinna a sugerat că rădăcinile culturale ale Germaniei si ale limbilor

*

germanice de astăzi se găsesc în cultura ceramicii cordate. în eseul său, *The Borderland of Eastern Germany: Home Territory of the Germans,* el a susţinut că, având în vedere prezenţa culturii ceramicii cordate pe teritoriul Poloniei, Cehoslovaciei şi în vestul Rusiei din vremea sa, acest lucru le dă germanilor dreptul moral, prin naştere, de a pretinde aceste teritorii ca fiind ale lor.[26]

Ideile lui Kossinna au fost îmbrăţişate de nazişti si, deşi el a murit în 1931, înainte ca aceştia să vină la putere, învăţăturile sale au fost folosite ca o bază pentru propaganda lor şi o justificare a pretenţiilor teritoriale asupra estului.[27] Ideea lui Kossinna că migraţia a fost explicaţia principală a schimbărilor din materialul arheologic era, de asemenea, atractivă pentru nazişti, deoarece se potrivea cu ideea lor rasistă despre lume, fiind uşor de imaginat că migraţiile au fost propulsate de superioritatea biologică înnăscută a unor oameni asupra altora. După cel de-al Doilea Război Mondial, arheologii europeni, reacţionând la politizarea domeniului lor, au început să demonteze argumentele lui

Kossinna şi ale colegilor săi, aducând dovezi în favoarea cazurilor în care schimbări ale culturii materiale au fost produse prin invenţie locală sau prin imitaţie, iar nu prin răspândirea oamenilor. Ei recomandau o prudenţă extremă în invocarea migraţiilor pentru explicarea modificărilor conţinute de dovezile arheologice. Astăzi, o opinie comună printre arheologi este aceea că migraţiile reprezintă numai una dintre multiplele explicaţii ale schimbărilor culturale majore. Mulţi arheologi încă mai susţin că, acolo unde există dovezi ale unor schimbări culturale majore, ipoteza de lucru trebuie să fie că aceste schimbări reflectă comunicarea de idei sau invenţii locale, iar nu, în mod obligatoriu, deplasări de masă ale oamenilor.[28]

Alăturarea culturii ceramicii cordate şi a migraţiei, în aceeaşi propoziţie, declanşează reacţii de alertare deosebit de puternice din cauza încercării lui Kossinna si a naziştilor de a folosi cultura ceramicii cordate pentru a construi o bază pentru identitatea naţională germană.[29] Atunci când eram în stadiul final de pregătire a unei lucrări pentru a o trimite spre publicare, în 2015, unul dintre arheologii germani care a contribuit cu probe de schelete a scris o scrisoare tuturor coautorilor: „Trebuie (!) să evităm... să fim comparaţi cu «siedlungsarchăologische Methode» a lui Gustaf Kossinna!” Apoi el şi alţi câţiva colaboratori s-au retras din colectivul autorilor înainte ca noi să fi modificat lucrarea pentru a sublinia diferenţele dintre teza lui Kossinna şi descoperirile noastre, mai precis că această

cultură a ceramicii cordate a venit din est si că oamenii asociaţi cu ea nu fuseseră * î anterior stabiliţi în Europa Centrală.

Teoria corectă cu privire la răspândirea culturii ceramicii cordate prin migraţie dinspre est fusese deja propusă în anii 1920 de un contemporan al lui Kossinna, arheologul V. Gordon Childe[30], deşi şi această idee a fost evitată, din cauza a ceea ce s-a întâmplat în al Doilea Război Mondial şi ca reacţie la folosirea abuzivă a arheologiei de către nazişti, o reacţie care a îmbrăcat forma unui scepticism extrem în legătură cu referirea la oricare migraţie.[31] Descoperirile noastre despre legătura genetică dintre cultura Yamnaya şi cultura ceramicii cordate demonstrează puterea perturbatoare a ADN-ului ancestral. Ele pot demonstra mişcările din trecut ale oamenilor şi, în acest caz, a dovedit amploarea înlocuirii populaţiei, pe care niciun arheolog modern, nici chiar cei mai înfocaţi susţinători ai migraţiei, nu a îndrăznit să o afirme. Legătura dintre moştenirea genetică a stepei şi oamenii aparţinând culturii arheologice a ceramicii cordate, prin artefacte şi morminte, nu mai este astăzi o simplă ipoteză, ci este un fapt dovedit.

Cum a fost posibil ca o populaţie de păstori din stepă, puţin numeroasă, să fie capabilă să înlocuiască agricultorii dens răspândiţi din centrul şi vestul Europei? Arheologul Peter Bellwood a afirmat că, odată ce populaţiile dense de agricultori s-au stabilit şi sedentarizat în Europa, ar fi fost practic imposibil, pentru alte grupuri, care au sosit

mai târziu, să provoace o lovitură demografică, deoarece numărul lor ar fi părut mic în comparaţie cu populaţia deja existentă acolo.[32] Ca o analogie, să considerăm efectul ocupaţiei britanice sau mogule în India. Ambele puteri au controlat subcontinentul timp de sute de ani, dar au lăsat puţine urme în populaţia de astăzi. Dar ADN-ul ancestral arată, în mod incontestabil, că înlocuirea populaţiei majoritare s-a petrecut în Europa, cu aproximativ 4 500 de ani în urmă.

Cum au fost capabili oamenii cu o moştenire genetică provenită din stepă să aibă un asemenea impact asupra unei regiuni deja locuite? Un posibil răspuns ar fi acela că agricultorii care i-au precedat nu ar fi ocupat, probabil, toate nişele economice disponibile din Europa Centrală, oferind popoarelor venite din stepă ocazia să se extindă. Deşi este dificilă estimarea dimensiunii unei populaţii, după dovezile arheologice, numărul oamenilor din Europa de Nord, de acum mai bine de 2 000 de ani, a fost estimat a fi fost de aproximativ o sută de ori mai mic decât cel de astăzi sau chiar mai mic, reflectând metode de practicare a agriculturii mai puţin eficiente, lipsa accesului la pesticide şi fertilizatori, absenţa unor plante cu un randament ridicat şi o mortalitate infantilă mai ridicată.[33] Atunci când cultura ceramicii cordate a ajuns în centrul Europei, multe câmpuri cultivate de acolo erau înconjurate de păduri virgine. Dar studii asupra polenului din Danemarca şi din alte părţi, arată că, la momentul respectiv, mari părţi din nordul Europei fuseseră transformate din păduri în păşuni, sugerând că nou- veniţii aparţinând culturii ceramicii

cordate au tăiat probabil pădurile, remodelând părţi ale peisajului pentru a semăna în mai mare măsură cu stepa şi şi- au creat o nişă proprie, pe care ceilalţi oameni din regiune nu o folosiseră cu adevărat niciodată.[34]

Mai există şi o a doua explicaţie posibilă a faptului că oamenii din stepă au reuşit să se stabilească în Europa – una pe care nimeni nu ar fi considerat-o credibilă, în lipsa ADN-ului ancestral. Eske Willerslev şi Simon Rasmussen, lucrând împreună cu arheologul Kristian Kristiansen, au avut ideea de a testa 101 probe de ADN ancestral provenite din Europa şi din stepă, pentru evidenţierea agenţilor patogeni.[35] în şapte probe au găsit ADN provenit de la *Yersinia pestis,* bacteria răspunzătoare de Ciuma neagră, care se estimează că a omorât o treime din populaţia Europei, Indiei şi Chinei, acum 700 de ani. Urmele acestei boli în dinţii unei persoane sunt un semn aproape sigur că respectiva persoană a murit din această cauză. Genomurilor celor mai timpurii bacterii pe care le-au secvenţiat le lipseau câteva gene importante, necesare pentru ca boala să se răspândească prin intermediul puricilor, detaliu necesar pentru răspândirea ciumei bubonice. Dar genomurile bacteriene posedau genele necesare pentru a provoca ciuma pulmonară, care se răspândea prin strănut şi tuse, la fel ca şi gripa. Faptul că o proporţie substanţială din mormintele alese aleatoriu pentru analiză aveau *Yersinia pestis* indica faptul că această boală era endemică în stepă.

Este posibil ca oamenii din stepă, care au

făcut boala şi care ar fi dezvoltat un răspuns imun, să o fi transmis apoi agricultorilor central-europeni, sensibili din punct de vedere imunologic, fapt care ar fi putut determina o reducere a numărului acestora, făcând astfel loc expansiunii culturii ceramicii cordate? Asta ar fi o mare ironie. Unul dintre cele mai importante motive pentru dispariţia populaţiilor de nativi americani, după anul 1492, a fost răspândirea bolilor infecţioase de către europenii care aveau, probabil, o oarecare rezistenţă imunitară, după mii de ani de expunere, ca rezultat al traiului în apropierea animalelor lor domestice. Dar nativii americani, care în general nu aveau animale domestice, este posibil să fi fost cu mult mai puţin rezistenţi la aceste boli. A fost oare posibil ca, într-un mod asemănător, şi agricultorii nord-europeni de acum 5 000 de ani să fi fost decimaţi de boli aduse din est, pavând drumul răspândirii moştenirii genetice din stepă, în Europa?

## CUM A SUCOMBAT BRITANIA

După ce valul de moştenire genetică din stepă s-a prăvălit asupra Europei centrale, a continuat să se rostogolească. înce-pând cu perioada de acum 4 700 de ani, la două secole după ce cultura ceramicii cordate a măturat Europa Centrală, a avut loc o răspândire la fel de dramatică a culturii vaselor în formă de clopot, venită, probabil, din zona iberică de astăzi. Cultura vaselor-clopot (bell beaker în limba engleză – n.red.) este denumită astfel după forma de clopot a vaselor de băut, care s-au răspândit rapid în vestul Europei împreună cu alte artefacte, incluzând nasturi

decorativi şi brăţări protectoare pentru încheieturile arcaşilor. Este posibil să obţinem informaţii despre mişcarea oamenilor şi a obiectelor prin studierea raporturilor izotopilor unor elemente precum stronţiul, plumbul şi oxigenul, care sunt caracteristice materialelor din diferite părţi ale Europei. Prin studiul compoziţiei izotopice a dinţilor, arheologii au arătat că unii oameni aparţinând culturii vaselor-clopot s-au deplasat la sute de kilometri de locurile lor natale.[36] Cultura vaselor- clopot s-a răspândit în Britania cu 4 500 de ani în urmă.

O întrebare majoră, rămasă deschisă, pentru înţelegerea răspândirii culturii vaselor-clopot, a fost, întotdeauna, dacă această răspândire s-a datorat mişcării oamenilor sau a ideilor. La începutul secolului XX, recunoaşterea impactului masiv al culturii vaselor-clopot a dus la apariţia noţiunii romantice de „populaţia vaselor-clopot”, un neam care a răspândit o nouă cultură şi, probabil, şi limbile celtice – o reflectare a febrei naţionaliste din acea vreme. Dar, ca şi afirmaţiile făcute cu privire la cultura ceramicii cordate, această poziţie a fost respinsă după cel de-al Doilea Război Mondial.

în anul 2017, laboratorul meu a reuşit să asambleze datele din ADN-ul ancestral la nivel de genom provenit de la peste 200 de schelete asociate culturii vaselor-clopot din cuprinsul Europei.[37] Inigo Olalde, un cercetător postdoctoral, a analizat datele pentru a arăta că indivizii din Iberia nu se distingeau genetic de oamenii care i-au

precedat şi care nu erau îngropaţi în stilul culturii vaselor-clopot. Dar indivizii asociaţi culturii vaselor-clopot din Europa Centrală erau extrem de diferiţi, având cea mai mare parte a zestrei lor genetice originară din stepă şi foarte puţină moştenire genetică comună cu indivizii din Iberia, asociaţi culturii vaselor-clopot. Astfel, în mod deosebit faţă de ceea ce s-a întâmplat în cazul răspândirii culturii ceramicii cordate dinspre est, răspândirea iniţială a culturii vaselor-clopot prin Europa a fost mediată de o mişcare a ideilor, iar nu de o migraţie fizică.

Odată ce cultura vaselor-clopot a ajuns în Europa Centrală prin răspândirea ideilor, aceasta s-a răspândit totuşi mai departe şi prin migraţii. înainte de răspândirea culturii vaselor-clopot în Britania, nicio singură probă de ADN ancestral din multele zeci de probe pe care le-am analizat nu avea nicio urmă de moştenire genetică provenită din stepă. Dar după momentul 4 500, fiecare din multele zeci de probe de britanici ancestrali, pe care le-am analizat, aveau cantităţi mari de zestre genetică provenită din stepă şi nicio afinitate specială cu ibericii. Măsurat în termenii proporţiei de zestre genetică din stepă, ADN-ul extras din zeci de schelete aparţinând culturii vaselor-clopot din Anglia se potrivea cu cel al scheletelor din mormintele culturii vaselor-clopot din lungul Canalului Mânecii. Impactul genetic al răspândirii oamenilor de pe continent în Insulele Britanice, din acea perioadă, a fost unul permanent. Scheletele britanicilor şi irlandezilor[38] din Epoca Bronzului, care a urmat culturii vaselor-

clopot, conţineau cel mult 10% moştenire genetică de la primii agricultori din aceste insule, celelalte 90% provenind de la oameni precum cei asociaţi culturii vaselor-clopot din Ţările de Jos. Rezultă că a avut loc o înlocuire a populaţiei cel puţin la fel de dramatică precum cea care a acompaniat răspândirea culturii ceramicii cordate.

A reieşit că ideea discreditată a „populaţiilor culturii vaselor-clopot" a fost corectă în cazul Angliei, cu toate că a fost greşită ca explicaţie a răspândirii culturii vaselor-clopot pe continentul european, în general. Astfel, datele provenite din ADN-ul ancestral încep să ne ofere o imagine mai nuanţată a modului în care s-au schimbat culturile în preistorie. Impulsionaţi de rezultatele ADN-ului ancestral, unii arheologi au speculat că această cultură a vaselor- clopot ar putea fi privită ca un fel de religie străveche, care a convertit populaţiile de provenienţe diferite la un nou mod de a privi lumea, servind astfel ca un solvent ideologic care a facilitat integrarea şi răspândirea moştenirii genetice şi culturale din stepă în centrul şi vestul Europei. într-un sit arheologic datând din perioada culturii vaselor-clopot, din Ungaria, am găsit dovezi directe că această cultură era deschisă oamenilor cu origini diverse, indivizii îngropaţi în stilul culturii vaselor-clopot având o paletă completă de moştenire genetică din stepă, de la 0% la 75% (la fel de mult ca şi în cazul oamenilor asociaţi culturii ceramicii cordate).

Ce anume a făcut posibilă răspândirea atât de dramatică a oamenilor care practicau

cultura vaselor- clopot, în nord-vestul Europei şi înlocuirea unor populaţii stabilizate şi foarte sofisticate care existau deja acolo? Arheologii privesc cultura vaselor-clopot ca fiind foarte diferită de cultura ceramicii cordate, care la rândul ei a fost foarte diferită de cultura Yamnaya. Cu toate acestea, toate cele trei culturi au participat la răspândirea masivă a zestrei genetice din stepă, de la est la vest, şi probabil că au avut unele elemente ideologice comune, în ciuda trăsăturilor lor foarte diferite.

Speculaţiile despre caracteristici împărtăşite între culturile separate unele de altele prin sute de kilometri i-au făcut pe oamenii de ştiinţă şi pe arheologi să fie stânjeniţi. Dar ar trebui să acordăm atenţie acestor probleme. înaintea descoperirilor genetice, oricare pretenţie că un nou mod de a privi lumea ar fi putut fi împărtăşit de culturi atât de diferite arheologic, una de cealaltă, precum Yamnaya, cultura ceramicii cordate şi cea a vaselor-clopt, ar fi fost respinsă, cu siguranţă, ca fiind fantezistă. Dar astăzi cunoaştem că aceşti oameni erau legaţi între ei prin migraţii majore, dintre care unele au copleşit culturile mai timpurii, oferind dovezi că aceste migraţii au avut efecte profunde. Trebuie, de asemenea, să ne uităm din nou la modul în care s-au răspândit limbile, o manifestare directă a răspândirii culturii. Faptul că aproape toţi europenii de astăzi vorbesc limbi strâns înrudite este o dovadă că a existat o diseminare puternică a unei noi culturi în Europa, la un moment dat. Este oare posibil ca răspândirea limbilor în

Europa să fi fost propulsată de răspândirea oamenilor, dovedită de ADN-ul ancestral?

## ORIGINEA LIMBILOR INDO-EUROPENE

Un mare mister al preistoriei îl reprezintă originea limbilor indo-europene, grupul de limbi strâns înrudite care sunt vorbite astăzi în cea mai mare parte a Europei, Armenia, Iran şi nordul Indiei, cu o mare separare în Orientul Apropiat, unde aceste limbi au existat numai la periferie, în ultimii 5 000 de ani – fapt cunoscut nouă deoarece scrisul a fost inventat acolo.

Unul dintre primii oameni care au remarcat asemănările dintre limbile indo-europene a fost William Jones, un judecător care lucra în Calcutta, India Britanică. El cunoştea, din şcoală, greaca şi latina si a învătat sanscrita, limba vechilor texte religioase indiene. în 1786, el observa: „limba sanscrită, oricare i-ar fi vechimea, are o structură minunată; mai perfectă decât greaca, mai copioasă decât latina si mult mai rafinată decât oricare dintre ele, având totuşi o afinitate mult mai puternică cu ambele, atât prin rădăcinile verbelor, cât şi prin structura gramaticii, decât ar fi posibil să apară în mod accidental; atât de puternică, încât niciun filolog nu ar putea să le examineze pe toate trei fără să creadă că au răsărit dintr-o sursă comună, care, probabil, nu mai există”[39]. Mai mult de 200 de ani, savantii au fost nedumeriţi cum de s-a dezvoltat o asemenea asemănare între limbi răspândite într-o regiune geografică atât de vastă.

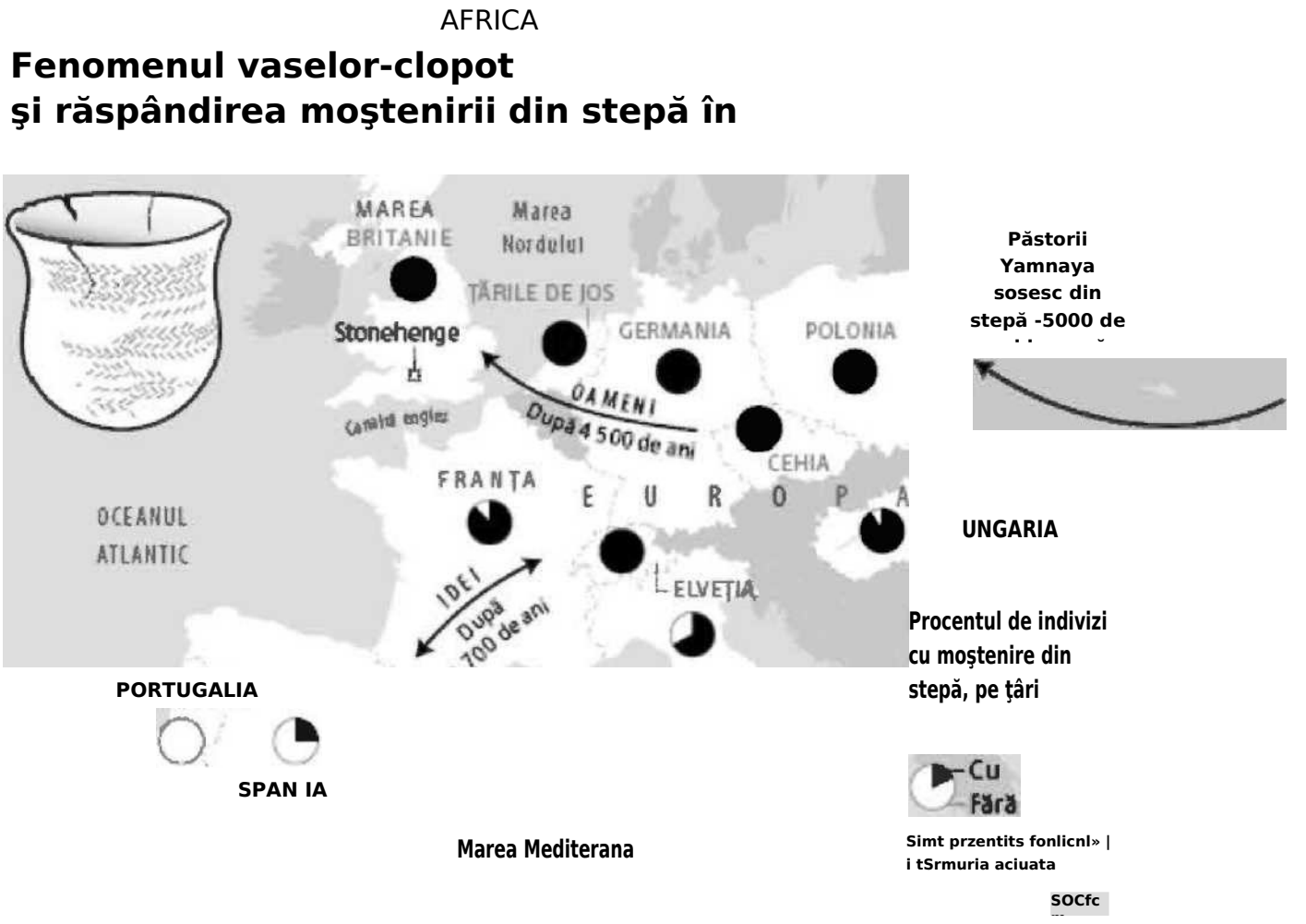



**Figura 16.** *Răspândirea ceramicii vaselor-clopot între Portugalia şi Spania de astăzi şi Europa Centrală s-a datorat unei mişcări a ideilor, nu a oamenilor, după cum reiese din tiparele lor genetice diferite. În schimb, răspândirea ceramicii vaselor-clopot în Insulele Britanice a fost acompaniată de o migraţie în masă. Cunoaştem acest lucru deoarece aproximativ 90% din populaţia care a construit Stonehenge – oameni care nu aveau o moştenire genetică Yamnaya – au fost înlocuiţi de oameni din Europa continentală, care aveau această moştenire.*

în 1987, Colin Renfrew a propus o teorie unificatoare cu privire la modul în care limbile indo- europene au ajuns la distribuţia lor actuală. în cartea sa, *Archaeology and Language: The Puzzle of IndoEuropean Origins,* el a sugerat că omogenitatea limbilor pe întinderea atât de vastă a Eurasiei de astăzi ar putea fi explicată prin unul şi acelaşi eveniment: răspândirea din Anatolia, acum 9 000 de ani, a oamenilor care au adus agricultura.[40] Argumentul său îşi avea rădăcinile în ideea că agricultura ar fi oferit anatolienilor un avantaj economic care ar fi permis noilor populaţii să se disperseze masiv în Europa. Studiile antropologice au arătat fără lacună că este nevoie de migraţii majore ale oamenilor pentru a realiza o schimbare a limbii, în societăţile de mici dimensiuni, astfel încât un fenomen atât de profund precum răspândirea limbilor indo-europene a fost produs, probabil, de o migraţie în masă.[41] Cum nu existau dovezi arheologice convingătoare cu privire la o migraţie majoră mai târzie în Europa şi cum era greu de imaginat că vreun alt grup, nou-venit, ar fi putut să câştige un avanpost, odată ce populaţiile dense de agricultori erau sedentarizate şi bine stabilite, Renfrew si savantii care i-au urmat au tras concluzia că răspândirea agriculturii a fost cea care a adus, probabil, limbile indo-europene în Europa.[42]

Logica lui Renfrew era convingătoare, ţinând cont de datele pe care le avea atunci la dispoziţie, dar argumentul că răspândirea agriculturii din Anatolia a condus la

răspândirea limbilor indo-europene în Europa a fost contrazis de constatările rezultate din studierea ADN-ului ancestral, care au arătat că, acum aproximativ 5 000 de ani, a existat o mişcare în masă a oamenilor în Europa Centrală, asociată culturii ceramicii cordate. Conform primului principiu – acela că, după răspândirea agriculturii în Europa, nu putea fi plauzibil, din punct de vedere demografic, să mai fi existat o altă mi-graţie substanţială, care să inducă schimbarea limbii –, Renfrew a construit un argument atractiv în favoarea ipotezei anatoliene, care a câştigat mulţi adepţi. Dar teoria este întotdeauna învinsă de date, iar datele arată că şi Yamnaya a avut un impact demografic major – de fapt, este clar că singura sursă importantă de moştenire genetică din nordul Europei de astăzi este provenită de la Yamnaya sau de la grupurile strâns înrudite cu ea. Acest lucru sugerează că expansiunea Yamnaya este posibil să fi adus un nou grup major de limbi în întreaga Europă. Omniprezenţa limbilor indo-europene în Europa ultimelor câteva mii de ani şi faptul că migraţia legată de Yamnaya a fost mai recentă decât cea a agricultorilor fac credibil faptul că cel puţin unele dintre limbile indo-europene din Europa, dar cel mai probabil toate, au fost răspândite de Yamnaya.[43]

Principalul contraargument al ipotezei anatoliene este ipoteza stepei – ideea că limbile indo-europene s-au răspândit din stepa de la nord de Marea Neagră şi Marea Caspică. Cel mai bun argument unic, pentru ipoteza stepei, înainte de obţinerea datelor genetice, ar putea fi cel construit de David

Anthony, care a arătat că un vocabular comun unei mari majorităţi a limbilor indo-europene de astăzi este puţin probabil să se potrivească cu apariţia lor mult mai timpurie decât acum 6 000 de ani. Observaţia sa esenţială a fost aceea că toate ramurile existente[5] ale familiei limbilor indo-europene, cu excepţia celor mai vechi limbi divergente anatoliene, care sunt dispărute astăzi (precum hitita veche), au un vocabular elaborat comun pentru noţiunea de „car”, incluzând cuvinte pentru „osii”, „harnaşament” şi „roată”.[J]

Anthony a interpretat aceste înrudiri ca fiind dovada că toate limbile indo-europene vorbite astăzi, din India, în partea de est, până la ţărmul Atlanticului, în vest, provin dintr-o limbă vorbită de o populaţie străveche care utiliza carele. Această populaţie nu putea să fi trăit cu mult mai înainte de acum 6 000 de ani, deoarece cunoaştem, din dovezile arheologice, că în jurul acelei date s-au răspândit roata şi carul.[44] Această dată exclude expansiunea anatoliană a agricultorilor în Europa, care s-a petrecut acum 9 000 – 8 000 de ani. Candidatul evident pentru răspândirea celor mai multe limbi indo-europene de astăzi este deci Yamnaya, care depindea de tehnologia carelor şi a roţilor care s-au răspândit acum aproximativ 5 000 de ani.

Faptul că s-ar fi putut ca o migraţie suficient de masivă a păstorilor din stepă să înlocuiască populaţiile stabilite de agricultori pare, în aceste condiţii, şi mai puţin plauzibilă pentru India decât pentru Europa. India este separată de stepă prin munţii înalţi ai

Afganistanului, în timp ce o asemenea barieră protectoare nu există în cazul Europei. Şi totuşi păstorii din stepă au pătruns şi în India. După cum voi povesti într-un alt capitol, aproape toată lumea din India este un amestec între două populaţii ancestrale înalt divergente, dintre care una îşi trage aproximativ jumătate din moştenirea genetică direct din Yamnaya.

în timp ce descoperirile genetice indică un rol central al populaţiei Yamnaya în răspândirea limbilor indo-europene, înclinând, în mod categoric, balanţa în favoarea unei variante a ipotezei stepei, aceste descoperiri totuşi nu rezolvă problema locului de origine a limbilor indo-europene iniţiale, locul unde aceste limbi erau vorbite înainte ca Yamnaya să se fi răspândit atât de dramatic. Limbile anatoliene cunoscute după tăbliţele de acum 4 000 de ani, recuperate de la imperiul hitit şi culturile ancestrale învecinate, nu împărtăşeau vocabularul complet al cuvintelor car şi roată, prezent în toate limbile indo- europene care se vorbesc astăzi. ADN-ul ancestral disponibil din Anatolia acelor vremuri nu prezintă urme de moştenire genetică de la vreo populaţie din stepă, asemănătoare Yamnayei (deşi dovezile în acest caz sunt circumstanţiale, deoarece nu a fost publicat până acum niciun ADN ancestral provenit de la hitiţi). Mie, acest lucru îmi sugerează că cea mai plauzibilă localizare a populaţiei care a vorbit pentru prima oară o limbă indo-europeană se afla la sud de munţii Caucaz, probabil în Iranul sau Armenia de astăzi, deoarece ADN-ul ancestral

provenit de la oamenii care au trăit acolo se potriveşte cu ceea ce ne aşteptăm de la o populaţie sursă atât pentru Yamnaya, cât şi pentru anatolienii străvechi. Dacă acest scenariu este corect, populaţia a trimis o ramură în stepă – care s-a amestecat cu vânător- culegătorii de acolo într-o proporţie de 1:1 pentru a deveni populaţia Yamnaya descrisă anterior –, iar altă ramură în Anatolia, pentru a pune bazele strămoşilor oamenilor care vorbeau o limbă precum hitita.

Pentru cineva din afară, poate părea surprinzător ca ADN-ul să poată avea un impact categoric asupra unei dispute referitoare la limbi. Desigur, ADN-ul nu poate dezvălui ce limbă vorbea populaţia respectivă. Dar ceea ce pot face geneticienii este să stabilească dacă au avut loc migraţii. Dacă oamenii s-au mişcat, înseamnă că au avut loc si contacte culturale – cu alte cuvinte, urmărirea genetică a migraţiilor face posibilă şi urmărirea răspândirii potenţiale a culturii şi limbii. Prin trasarea unor căi de migraţie plauzibile şi eliminarea altora, ADN-ul ancestral a încheiat un deceniu de impas în controversa privitoare la originea limbilor indo-europene. Ipoteza anatoliană şi-a pierdut dovada sa cea mai plauzibilă, iar cea mai comună versiune a ipotezei stepei – care sugerează că originea fundamentală a tuturor limbilor indo- europene, inclusiv a celor anatoliene, se află în stepă – trebuie si ea să fie modificată. ADN-ul s-a dovedit esenţial pentru o nouă sinteză a geneticii, arheologiei şi lingvisticii, care înlocuieşte teoriile

depăşite din prezent.

O lecţie esenţială furnizată de revoluţia ADN-ului ancestral este aceea că descoperirile, aproape întotdeauna, aduc dovezi foarte diferite de modelele pre-existente, cu privire la migraţiile umane, arătând cât de puţine lucruri cunoşteam cu adevărat despre migraţia umană şi formarea populaţiilor, înainte de inventarea acestei noi tehnologii. Perspectiva indo- europenilor sau „arienilor" ca reprezentând un grup „pur" a iscat sentimente naţionaliste în Europa încă din secolul al XIX-lea.[45] Au existat controverse dacă celţii sau teutonii sau alte grupuri erau adevâraţii „arieni", iar rasismul nazist a fost alimentat de aceste dispute. Datele genetice au oferit ceea ce ar părea un sprijin incomod pentru unele dintre aceste idei – sugerând că un singur grup coerent genetic a fost răspunzător pentru răspândirea multor limbii indo- europene. Dar datele evidenţiază, de asemenea, şi faptul că aceste discuţii timpurii au fost eronate în presupunerea purităţii strămoşilor. Indiferent dacă vorbitorii limbii indo-europene originare au trăit în Orientul Apropiat sau în estul Europei, Yamnaya, care era principalul grup răspunzător pentru răspândirea limbilor indo-europene pe o mare suprafaţă a globului, era formată dintr-un amestec. Oamenii care practicau cultura ceramicii cordate erau, la rândul lor, un amestec, iar europenii nord-vestici asociaţi culturii vaselor-clopot erau, la rândul lor, un amestec. ADN-ul ancestral a stabilit migraţiile majore şi amestecul între populaţii înalt divergente ca o forţă esenţială în modelarea

preistoriei umane, iar ideologiile care caută întoarcerea la o puritatea mitică se năruie în fata dovezilor stiintei serioase.

# Istoria populaţiei sud-asiatice

<9 000 de ani În urmă
Agricultura se răspândeşte spre est. din Iran în Valea Indusului

~5 000 de ani În urmă
Agricultura se răspândeşte în India peninsulară, simultan, dinspre est si dinspre

10 000 de am în

**PERIOADA DE**

Prezent

4 000 – 3 000 de ani in urmă
Apariţia vechilor indieni nordici şi a vechilor indieni

-3800 de ani În urma
Centrul populaţiei din Asia de Sud se deplasează către est

-3 000 de ani in urmă
Are loc o endogamie

3 500 de ani În urma
Data aproximativă a compunem *Rig Veda.* cel mai vechi text al hinduismului

4 500-3 800 de ani În urma
Civilizaţia Văii

| | |
|---|---|
| ~5 000 de ani În urma Expansiunea Yamnaya in stepă | 4 000 – 2 000 de ani in urma Un amestec masiv aduce laolaltă două populaţii-sursă ale |

5 500 – 2 000 de am În urma

# CAPITOLUL 6

# COLIZIUNEA CARE A DUS LA FORMAREA INDIEI

## CĂDEREA CIVILIZAŢIEI INDUSULUI

În cel mai vechi text al hinduismului, *Rig Veda,* zeul războinic Indra goneşte împotriva duşmanilor săi impuri, sau *dasa,* într-un car tras de cal, le distruge fortăreaţa, sau *pur,* şi le ia în stăpânire pământul şi apele, pentru a le oferi oamenilor săi, *arya* sau arieni.[1]

Compusă în intervalul de timp cuprins între acum 4 000 şi acum 3 000 de ani, în sanscrita veche, *Rig Veda* a fost transmisă oral timp de aproximativ 2 000 de ani, înainte de a fi scrisă, în mod foarte asemănător Iliadei şi Odiseei în Grecia, care au fost compuse cu câteva sute de ani mai târziu, într-o altă limbă indo-europeană timpurie.[2] *Rig Veda* este o extraordinară fereastră deschisă către trecut, care oferă informaţii despre felul în care trebuie să fi arătat cultura indo-europeană într-o perioadă mult mai apropiată, în timp, de vremurile în care aceste limbi au radiat dintr-o sursă comună. Dar ce au de a face istoriile din *Rig Veda* cu evenimentele reale? Cine erau *dasa,* cine erau *arya* şi unde anume era localizată acea fortăreaţă? S-a întâmplat oare, cu adevărat, ceva din toate

evenimentele descrise acolo?

în anii 1920 şi 1930, a existat un entuziasm extraordinar în legătură cu posibilitatea de a folosi arheologia pentru a căpăta o perspectivă asupra acestor întrebări. în acei ani, săpăturile arheologice au dezvăluit rămăşiţele unei civilizaţii ancestrale, oraşe înconjurate de ziduri la Harappa, Mohenjo-daro şi prin alte locuri din Punjab şi Sindh, care datau de acum 4 500 – 3 800 de ani. Aceste cetăti si



oraşe mai mici şi sate se înşirau pe valea fluviului Indus, în Pakistanul de astăzi şi în regiuni din India, iar unele dintre ele adăposteau zeci de mii de oameni.[3] Oare ele să fi fost fortăreţele sau pur-urile din *Rig Veda?*

Oraşele civilizaţiei Văii Indusului erau înconjurate de ziduri de apărare şi aveau locuinţele dispuse într- un caroiaj. Aveau locuri mari de stocare a grânelor obţinute prin cultivarea terenului din câmpiile fluviale învecinate. Oraşele adăposteau meşteşugari pricepuţi în prelucrarea lutului, aurului, cuprului, cochiliilor si lemnului. Oamenii din civilizaţia Văii Indusului se ocupau cu schimburi şi un comerţ înfloritor, lucru reflectat de greutăţile şi măsurile de piatră pe care le-au lăsat în urmă şi de partenerii lor de comerţ care trăiau în arii geografice foarte distanţate, precum Afganistanul, Arabia, Mesopotamia şi chiar şi Africa.[4] Confecţionau sigilii decorative cu imagini ale oamenilor sau animalelor. Deseori, pe aceste sigilii existau semne sau simboluri ale căror semnificaţii au rămas, în mare parte, nedescifrate.[5]

Nu numai scrierea, ci şi multe alte lucruri legate de civilizaţia Văii Indusului au rămas enigmatice, de când au fost făcute primele săpături. Cel mai mare mister este reprezentat de decăderea acestei civilizaţii. Acum aproximativ 3 800 de ani, aşezările Indusului şi-au pierdut importanţa, centrele de populaţie mutându-se către est, spre valea Gangelui.[6] Cam la acea vreme, a fost compusă *Rig Veda* în sanscrita veche, o limbă anterioară marii majorităţi a limbilor vorbite în nordul Indiei de astăzi si care se ramificase cu o mie de ani înainte de compunerea *Rig Veda,* din limbi vorbite în Iran. Limbile indo-iraniene sunt, la rândul lor, veri ai aproape tuturor limbilor vorbite în Europa şi împreună formează marea familie lingvistică indo-europeană. Religia dezvăluită de *Rig Veda,* cu panteonul său de zeităţi care guvernează natura şi controlează societatea, are asemănări de neconfundat cu mitologia altor regiuni indo-europene ale Eurasiei, incluzând Iranul, Grecia şi Scandinavia, fapt care oferă dovezi suplimentare referitoare la legăturile culturale dintre vastele spaţii ale Eurasiei.[7]

Unii au speculat că prăbuşirea civilizaţiei Văii Indusului a fost provocată de sosirea în regiune a emigranţilor din nord şi vest, care vorbeau limbi indo-europene, aşa numiţii indo-arieni. în *Rig Veda,* invadatorii aveau cai si care. Cunoaştem din informaţii arheologice că civilizaţia Văii Indusului a fost o societate anterioară folosirii cailor. Nu există o dovadă clară cu privire la prezenţa cailor în siturile lor arheologice şi nici nu s-au găsit urme de vehicule cu roţi, deşi există figurine din lut

reprezentând care cu roţi, trase de vite.[8] Caii şi carele de luptă trase de cai erau armele de distrugere în masă din Epoca Bronzului în Eurasia. Au folosit oare indo-arienii tehnologia militară pentru a înlătura civilizaţia din Valea Indusului?

De când au fost făcute primele săpături de la Harappa, „teoria invaziei ariene” a fost acaparată de naţionalişti atât în Europa, cât şi în India, fapt care face dificilă discutarea acestei idei într-o manieră obiectivă. Rasiştii europeni, incluzându-i pe nazişti, au fost atraşi de ideea unei invazii în India, în urma căreia locuitorii cu piele închisă la culoare au fost subjugaţi de războinicii cu o piele deschisă la culoare, înrudiţi cu nord-europenii şi care le-au impus un sistem ierarhizat de caste care interzicea căsătoria între grupuri diferite. Pentru nazişti şi alţii, distribuţia familiei de limbi indo-europene, care lega Europa de India şi care avea un impact redus asupra Orientului Apropiat cu evreii săi, vorbea de o cucerire străveche care s-a deplasat din locurile ancestrale, înlocuind şi subjugând oamenii din teritoriile cucerite, un eveniment pe care doreau să-l imite.[9] Unii au plasat locul de origine a indo-arienilor în nord-estul Europei, incluzând Germania. Ei au adoptat, de asemenea, caracteristici ale mitologiei vedice ca fiind ale lor, numindu-se arieni, după numele din *Rig Veda,* şi folosind zvastica, un simbol hindus tradiţional pentru noroc.[10]

Interesul naziştilor în migraţii şi în răspândirea limbilor indo-europene a creat dificultăţi savanţilor serioşi din Europa în

considerarea migraţiilor ca fiind calea de răspândire a limbilor indo-europene.[11] în India, posibilitatea ca civilizaţia Văii luduşului să fi căzut pradă migratorilor vorbitori ai unei limbi indo- europene, care veneau din nord, este, de asemenea, un subiect sensibil, deoarece sugerează că elemente importante ale culturii din sudul Asiei ar fi putut să fie influenţate din exterior.

Ideea migraţiilor în masă dinspre nord a ajuns să fie defa-vorizată de savanti nu numai din cauză că

devenise atât de politizată, dar şi din cauză că arheologii au realizat că principalele schimbări culturale din dovezile arheologice nu implică întotdeauna migraţii majore. Şi, în fapt, există puţine dovezi arheologice în favoarea unei asemenea mişcări a oamenilor. Nu există straturi evidente de cenuşă şi distrugere în jurul datei de 3 800 de ani, care să sugereze incendierea şi jefuirea oraşelor Indusului. Există dovezi că declinul civilizaţiei Văii Indusului s-a desfăşurat pe o perioadă îndelungată de timp, cu emigrarea la distanţă de oraşe şi degradarea mediului ambiant, care s-a produs în decurs de decenii. Dar lipsa dovezilor arheologice nu înseamnă că nu au existat incursiuni majore dinspre exterior. în urmă cu 1 600 – 1 500 de ani, Imperiul Roman de Apus s-a prăbuşit sub presiunea expansiunii germanice, cu mari lovituri, în plan politic şi economic, aplicate Imperiului Roman de Apus, atunci când vizigoţii şi vandalii au prădat Roma şi au preluat controlul politic asupra provinciilor romane. Totuşi, se pare că sunt puţine urme

arheologice ale distrugerii oraşelor romane de pe acea vreme şi dacă nu ar fi existat relatări istorice detaliate, am fi putut să nu ştim că au avut loc astfel de evenimente cruciale.[12] Este posibil ca în aparenta depopulare a văii Indusului să fim limitaţi, de asemenea, de dificultăţile pe care le au arheologii în a depista astfel de schimbări bruşte. Tiparele care reies din studiul arheologiei pot ascunde evenimente declanşatoare violente.

Ce poate să aducă în plus genetica? Nu ne poate spune ce s-a întâmplat la sfârşitul civilizaţiei Văii Indusului, dar ne poate spune dacă a avut loc o ciocnire între populaţii cu moşteniri genetice foarte diferite. Cu toate că amestecul nu este, prin el însuşi, o dovadă a migraţiilor, dovada genetică a amestecului confirmă modificări demografice dramatice şi, astfel, posibilitatea să fi avut loc un schimb cultural în apropierea momentului căderii Harappei.

## UN TĂRÂM AL COLIZIUNILOR

Marii munţi Himalaya s-au format acum aproximativ 10 000 000 de ani, prin ciocnirea plăcii continentale indiene, care se mişca înspre nord prin Oceanul Indian, cu Eurasia. India de astăzi este, de asemenea, produsul ciocnirilor dintre culturi şi oameni.

Să considerăm agricultura. Subcontinentul indian este unul dintre coşurile de pâine ale omenirii – astăzi hrăneşte un sfert din populaţia lumii – şi a fost unul dintre cele mai mari centre populaţionale, încă de când s-au

răspândit oamenii moderni în Eurasia, acum aproximativ 50 000 de ani. Şi totuşi, agricultura nu a fost inventată în India. Agricultura indiană de astăzi s-a născut din coliziunea a două mari sisteme agrare din Eurasia. Culturile de grâu şi orz din Orientul Apropiat, cu ierni ploioase, au ajuns în Valea Indusului acum mai puţin de 9 000 de ani, conform datelor arheologice – aşa cum este atestat, de exemplu, din vechiul Mehrgarh, situat în extremitatea vestică a Văii Indusului, în Pakistanul de astăzi.[13] Acum aproximativ 5 000 de ani, agricultorii locali au reuşit să adapteze aceste culturi de cereale la tiparele de ploi musonice din timpul verii, culturi care s-au răspândit în toată India peninsulară.[14] Culturile de orez şi mei din China, cu ploi musonice în cursul verii, au ajuns şi ele în India peninsulară tot acum aproximativ 5 000 de ani. India pare să fie primul loc în care s-a petrecut ciocnirea dintre sistemele de culturi agricole din Orientul Apropiat şi din China.

Limba este o altă amalgamare. Limbile indo-europene din nordul Indiei sunt înrudite cu limbile din Iran şi Europa. Limbile dravidiene, vorbite mai ales de indienii din sud, nu sunt strâns înrudite cu limbile din afara Asiei de Sud. Mai există limbile sino-tibetane vorbite de grupuri care trăiesc în munţii care mărginesc nordul Indiei şi mici zone de grupuri tribale din est şi din centru, care vorbesc limbi austro-asiatice înrudite cu cambodgiana şi vietnameza şi care se crede că ar proveni din limbile vorbite de oamenii care au adus prima oară cultura orezului în sudul Asiei şi în părţi din sud-estul Asiei, în

*Rig Veda,* sunt prezente cuvinte împrumutate din vechea dravidiană şi din limbile austro-asiatice, pe care lingviştii le consideră atipice limbilor indo- europene, ceea ce indică în mod direct faptul că aceste limbi au fost în contact unele cu altele, în India, timp de cel puţin 3 000 – 4 000 de ani.[15]

Oamenii din India sunt, de asemenea, variaţi ca înfăţişare, oferind dovezi evidente în favoarea amestecului genetic. 0 deplasare pe o stradă din oricare oraş indian demonstrează limpede cât de diverşi sunt indienii. Pielea variază de la culori închise la cele pale. Unii oameni au trăsături faciale asemănătoare europenilor, alţii sunt mai apropiaţi de chinezi. Este tentant să gândeşti că aceste diferenţe reflectă o ciocnire între populaţii care s-au amestecat într-un anumit moment din trecut, cu proporţii diferite de amestec, la diferitele grupuri care trăiesc astăzi acolo. Dar este, de asemenea, posibil să suprainterpretăm aspectele fizice, deoarece se ştie că acestea pot reflecta şi mediul, şi dieta.

Primele studii genetice în India au furnizat date întrucâtva contradictorii. Cercetătorii care studiau ADN-ul mitocondrial, transmis, întotdeauna, pe linie maternă, au găsit că majoritatea ADN-ului mitocondrial indian era unic subcontinentului si au estimat că tipurile de ADN mitocondrial indian împărtăşesc o zestre genetică comună numai cu ADN mitocondrial predominant în afara sudului Asiei, din urmă cu multe zeci de mii de ani.[16] Acest lucru sugera că, pe linie maternă, strămoşii indienilor au fost în mare parte

izolaţi în interiorul subcontinentului, pentru o lungă perioadă, fără a se amesteca cu populaţiile învecinate din vest, est şi nord. în schimb, o fracţiune importantă din cromozomul Y indian, transmis de la tată la fiu, a prezentat o mai strânsă înrudire cu vest-eurasiaticii – din Europa, Asia Centrală şi Orientul Apropiat –, sugerând încrucişarea.[17]

Unii istorici ai Indiei şi-au pus mâinile în cap şi au contestat informaţia genetică din cauza acestor date aparent contradictorii. Situaţiei nu i-a fost de ajutor faptul că geneticienii nu au o pregătire formală în arheologie, antropologie şi lingvistică – domeniile care au dominat studiul preistoriei umane – şi pot face greşeli elementare sau se pot împiedica în erori de logică, atunci când rezumă descoperirile din domeniile respective. Dar este o nesăbuinţă să ignori genetica. Noi, geneticienii, s-ar putea să fim barbarii care au apărut târziu la studierea trecutului uman, dar este întotdeauna o idee rea să ignori barbarii. Avem acces la un tip de date la care nimeni nu a avut acces înainte şi mânuim aceste date pentru a căuta răspuns la întrebări inabordabile anterior, cu privire la cine au fost oamenii străvechi.

## OAMENII IZOLAŢI DE PE INSULA MICUL ANDAMAN

Cercetările mele cu privire la preistoria Indiei au început în 2007, cu o carte şi o scrisoare.

Cartea era *The History and Geography of Human Genes,* marea operă a lui Cavalli-Sforza, în care-i menţiona pe „negrite”,

locuitori ai insulelor Andaman din golful Bengal, situate le sute de kilometri distanţă de continent. Insulele Andaman au rămas izolate prin bariere de ape adânci, în cea mai mare parte a istoriei dispersării oamenilor moderni prin Eurasia, cu toate că Marele Andaman a fost masiv perturbat de influenţele de pe continent, în ultimele câteva sute de ani (britanicii au folosit insula drept închisoare colonială). Insula Santinelei de Nord este ocupată de una dintre ultimele populaţii din Epoca de Piatră rămase neinfluentate de civilizaţia modernă – un grup de câteva sute de oameni care sunt acum protejaţi de influenţele din exterior, de către guvernul indian, şi care sunt atât de porniţi împotriva lumii din exterior, încât au tras cu săgeţi în elicopterele indiene care au venit să le ofere ajutor după tsunamiul din Oceanul Indian, din 2004. Andamanezii vorbesc limbi atât de diferite de celelalte limbi din Eurasia, încât nu se pot trasa nici un fel de conexiuni cu acestea. De asemenea, arată diferit fată de ceilalţi oameni care trăiesc în împrejurimi, cu trăsături mai delicate şi cu părul creţ, strâns răsucit. într-o secţiune a cărţii sale, Cavalli-Sforza specula că andamanezii ar putea reprezenta urmaşii izolaţi ai celor mai timpurii expansiuni ale oamenilor moderni afară din Africa, mutându-se acolo, probabil, înainte de migraţia care a apărut după acum 50 000 de ani şi care a furnizat cea mai mare parte din moştenirea genetică a non-africanilor de astăzi.

Citind aceste lucruri, colegii mei şi cu mine le-am scris o scrisoare lui Lalji Singh şi

Kumarasamy Thangaraj de la Centru de Biologie Celulară şi Moleculară (CCMB) din Hyderabad, India. Cu câţiva ani înainte, Singh şi Thangaraj publicaseră un articol despre ADN-ul mitocondrial şi cel al cromozomului Y al oamenilor din insulele Andaman.[18] Studiul lor arăta că locuitorii din Micul Andaman au fost separaţi timp de zeci de mii de ani de populaţiile din Eurasia. I-am întrebat dacă ar fi posibil să analizăm întregul genom al andamanezilor pentru a obţine o imagine mai completă.

Singh şi Thangaraj au fost foarte entuziasmaţi de colaborare şi m-au convins repede că exista o imagine mult mai amplă de schiţat şi în ceea ce-i priveşte pe indienii de pe subcontinentul indian. Ei ne-au oferit accesul la o colecţie bogată de ADN. În frigiderele de la CCMB, adunaseră probe care ilustrau extraordinara diversitate umană din India – ultima oară când am verificat, colecţia lor cuprindea peste 300 de grupuri şi mai mult de 18 000 de probe individuale de ADN. Acestea fuseseră colectate de studenţi din toată India, care vizitaseră sate şi luaseră probe de sânge de la oameni ai căror bunici trăiseră în acelaşi loc şi în acelaşi grup. Din colecţia CCMB am selectat 25 de grupuri care erau cât se poate de diferite geografic, cultural şi lingvistic. Grupurile cuprindeau indivizi din sistemul tradiţional de caste, atât dintre cei cu un statut social inferior, cât şi dintre cei cu statut social superior, dar şi un număr de triburi care erau complet în afara sistemului de caste.

Câteva luni mai târziu, Thangaraj a venit în

laboratorul nostru din Boston, aducând cu el acest set unic şi preţios de probe ADN. Le-am analizat folosind microarray SNP (single nucleotide polymorphism sau polimorfismul uninucleotidic în limba română – n. red.), o tehnologie care devenise de curând disponibilă în Statele Unite, dar nu şi în India. Thangaraj primise acordul guvernului indian de a scoate ADN-ul din India (regulamentele indiene limitează exportul de material biologic, dacă cercetarea poate fi făcută în interiorul ţării.)

Un microarray SNP conţine sute de mii de pixeli microscopici, fiecare dintre ei fiind acoperit de fragmente de ADN sintetizate artificial, din locuri ale genomului care sunt alese de cercetători pentru a fi analizate. Când o probă ADN este trecută peste microarray, fragmentele care se suprapun peste secvenţele artificiale de ADN se leagă strâns, iar fragmentele care nu o fac sunt îndepărtate. Bazându- se pe intensitatea relativă a legării de aceste fragmente momeală, o cameră care detectează lumina fluorescentă poate determina ce tipuri genetice posibile poartă o anumită persoană în genomul său. Microarray SNP pe care l-am folosit a fost capabil să studieze multe sute de mii de poziţii dintr-un genom, care conţin mutaţii caracteristice unor oameni, dar nu şi altora. Prin studierea acestor poziţii, este posibil să determinăm care dintre indivizi sunt cel mai îndeaproape înrudiţi cu alţii. Tehnica este mult mai puţin costisitoare decât secvenţierea întregului genom, deoarece se concentrează pe punctele de interes – acelea

care au tendinţa să difere între oameni, oferind astfel cea mai mare densitate de informaţie despre istoria populaţiei.

Pentru a obţine o imagine iniţială a modului în care erau înrudite probele între ele, am folosit tehnica matematică a analizei componentelor principale, care este descrisă şi în capitolul anterior despre istoria populaţiei vest-eurasiatice şi care găseşte combinaţii ale modificărilor câte unei singure litere din ADN, care oferă cele mai multe informaţii cu privire la diferenţele dintre indivizi. Folosind această metodă pentru a reprezenta datele genetice ale indienilor pe un grafic bidimensional, am descoperit că probele se distribuiau în lungul unei linii. La extrema îndepărtată erau plasaţi indivizii vest- eurasiatici – europeni, locuitori din Asia Centrală şi din Orientul Apropiat – pe care i-am inclus în analiză pentru comparaţie. Am numit partea non-vest- eurasiatică a liniei „Clina indiană”: un gradient de variaţie între grupurile de indieni care indicau, pe diagramă, ca o săgeată direct către vest-eurasiatici.[19]

Un gradient în diagrama analizei componentei principale putea fi datorat unor istorii destul de diferite, dar un tipar atât de evident ne-a determinat să considerăm că multe grupuri indiene de astăzi pot reprezenta un amestec, în proporţii diferite, dintre o populaţie ancestrală înrudită cu vest-eurasiaticii şi o altă populaţie foarte diferită. Văzând că grupurile din părţile cele mai sudice ale Indiei – care vorbesc, de asemenea, limbi dravidiene – au tendinţa de a fi cel mai îndepărtate de vest-eurasiaticii din diagramă,

am cercetat un model în care indienii de astăzi ar fi apărut ca rezultat al unui amestec a două populaţii ancestrale si am evaluat concordanta acestui model cu datele.

Pentru a testa dacă a avut loc amestecul a trebuit să dezvoltăm metode noi. Metodele pe care le-am aplicat în 2010 pentru a arăta că a existat amestecul dintre Neanderthalieni şi oamenii moderni[20] au fost, de fapt, dezvoltate pentru studiul istoriei populaţiei indiene.

Iniţial, am testat ipoteza că europenii şi indienii descind dintr-o populaţie ancestrală comună care s-a separat timpuriu de strămoşii est-asiaticilor cum ar fi chinezii Han. Am identificat literele ADN în care genomurile europene şi cele indiene erau diferite şi apoi am măsurat cât de des probele chinezeşti prezintă tipurile genetice găsite la europeni sau indieni. Am descoperit că, în mod clar, chinezii împărtăşesc mai multe litere ADN cu indienii decât cu europenii. Acest rezultat a eliminat posibilitatea ca europenii şi indienii să provină dintr-o populaţie ancestrală comună şi omogenă, de la momentul separării lor de strămoşii chinezilor.

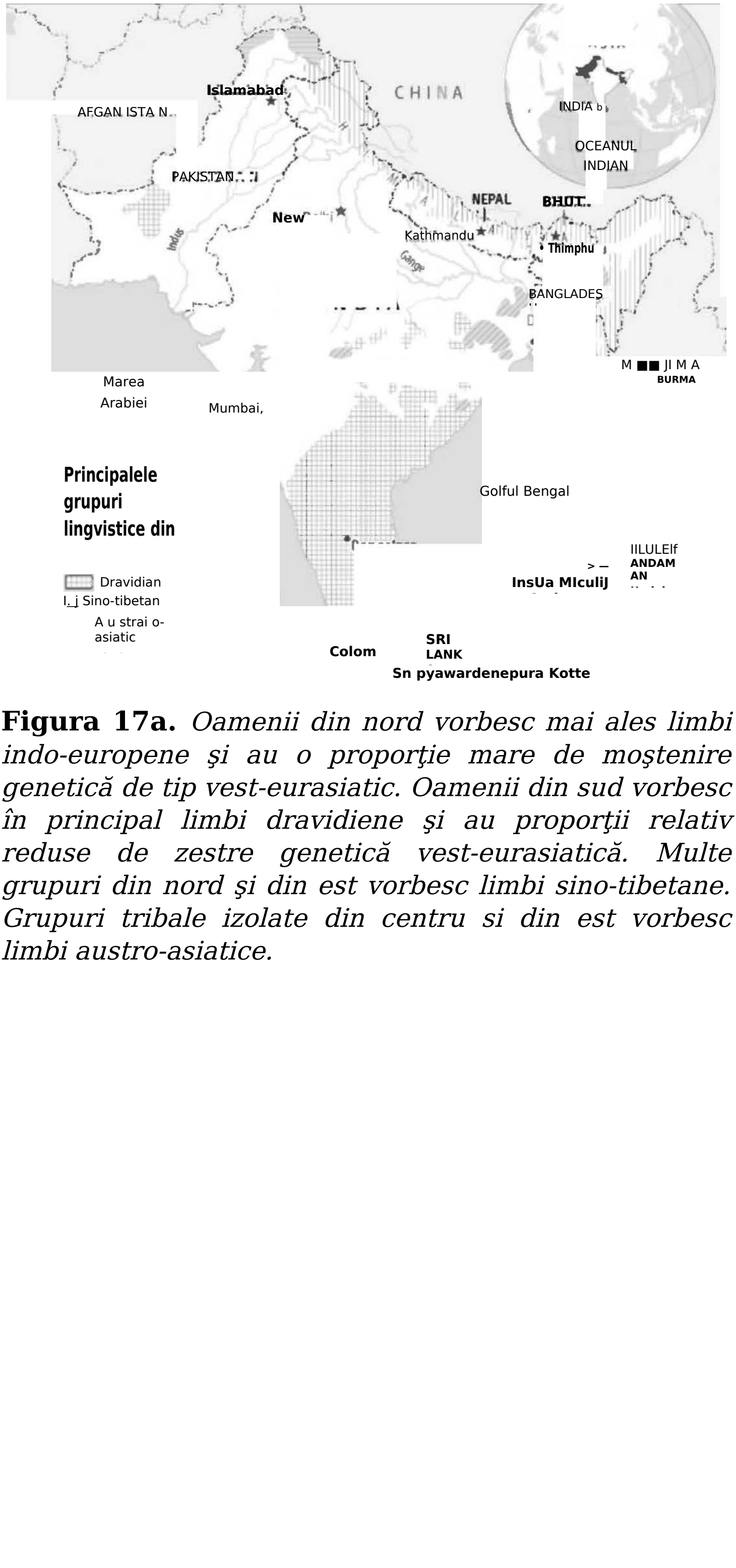



**Figura 17a.** *Oamenii din nord vorbesc mai ales limbi indo-europene şi au o proporţie mare de moştenire genetică de tip vest-eurasiatic. Oamenii din sud vorbesc în principal limbi dravidiene şi au proporţii relativ reduse de zestre genetică vest-eurasiatică. Multe grupuri din nord şi din est vorbesc limbi sino-tibetane. Grupuri tribale izolate din centru si din est vorbesc limbi austro-asiatice.*

Apoi am testat ipoteza alternativă ca indienii şi chinezi să provină dintr-o populaţie ancestrală comună, de la momentul separării lor de strămoşii europenilor. Nici acest scenariu nu a stat în picioare: grupurile europene sunt mai apropiat înrudite de toţi indienii decât fată de toti chinezii.

Am descoperit că frecvenţele mutaţiilor genetice găsite la toţi indienii sunt, în medie, intermediare între cele ale europenilor şi cele ale est-asiaticilor. Singurul mod în care acest tipar ar fi putut să apară este printr-un amestec al populaţiilor ancestrale – una legată de europeni, asiaticii centrali şi cei din Orientul Apropiat şi o altă populaţie înrudită de departe cu est-asiaticii.

# Principalele tipare de variaţie genetică în rândul sud-asiaticilor

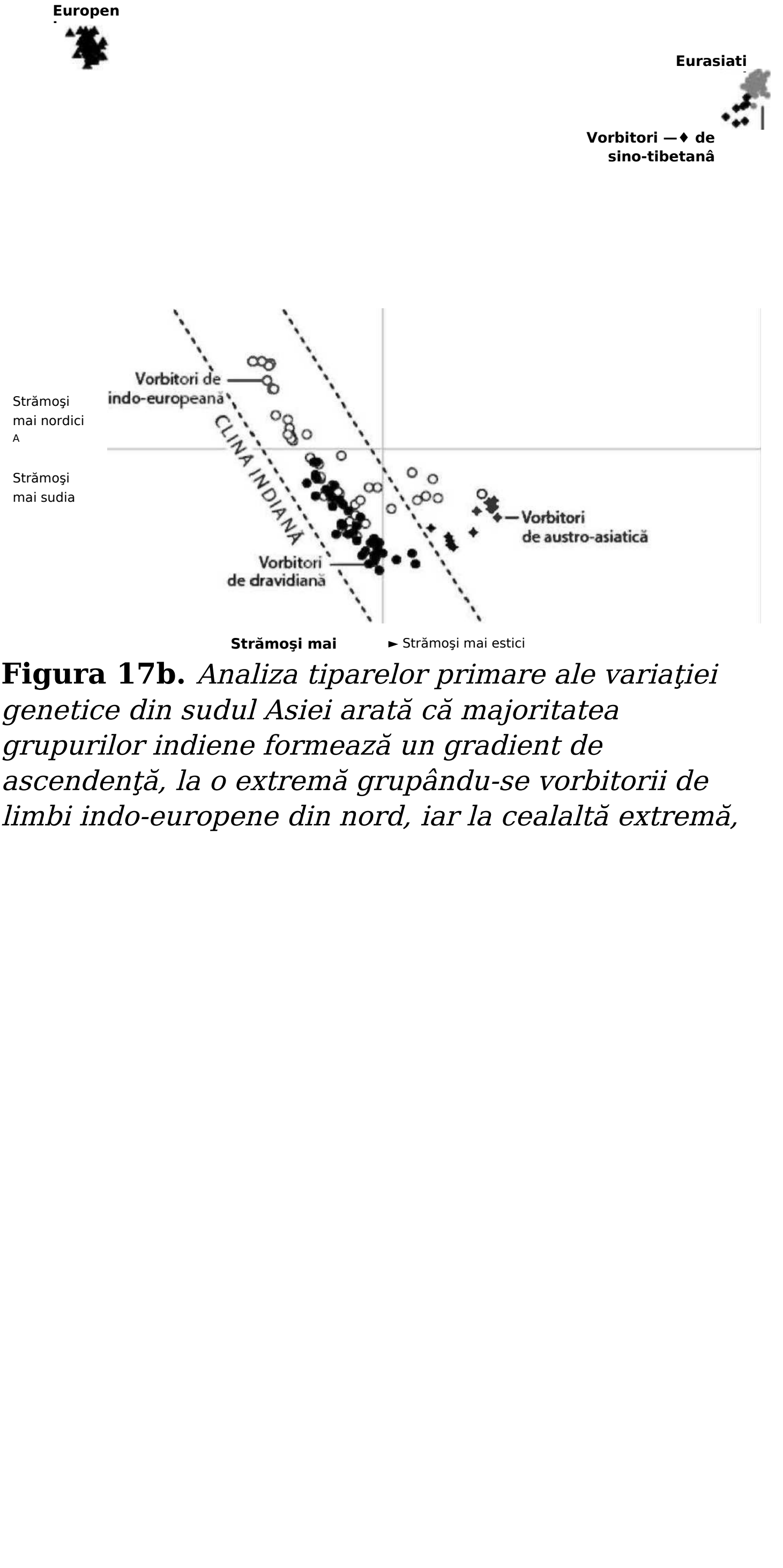



**Figura 17b.** *Analiza tiparelor primare ale variaţiei genetice din sudul Asiei arată că majoritatea grupurilor indiene formează un gradient de ascendenţă, la o extremă grupându-se vorbitorii de limbi indo-europene din nord, iar la cealaltă extremă,*

*vorbitorii de limbi dravidi- ene din sud.*

Iniţial, am numit această primă populaţie „vest- eurasiatici”, ca o modalitate de a ne referi la un set larg de populaţii din Europa, Orientul Apropiat şi Asia Centrală, între care există numai diferenţe modeste în privinţa frecvenţei mutaţiilor, de la un grup la altul. Aceste diferenţe sunt, în medie, de aproximativ zece ori mai mici decât diferenţele dintre europeni şi est-asiatici. A fost surprinzător să descoperim că una dintre cele două populaţii care au contribuit la moştenirea genetică a indienilor de astăzi se grupează cu vest-eurasiaticii. Asta ni se părea că ar reprezenta extremitatea cea mai estică a distribuţiei Strămoşilor vest-eurasiatici, unde s-au amestecat cu alţi oameni foarte diferiţi. Am putut vedea că cealaltă populaţie era mai îndeaproape înrudită cu est-asiaticii de astăzi, precum chinezii, dar era limpede, în acelaşi timp, că

exista o separare de zeci de mii de ani fată de aceştia. Astfel, era vorba de o linie care s-a separat timpuriu şi care a contribuit la moştenirea genetică a oamenilor care trăiesc în sudul Asiei de astăzi, dar nu a contribuit prea mult şi la moştenirea genetică a oamenilor care trăiesc oriunde altundeva.

Odată ce am identificat amestecul, am căutat să vedem care sunt populaţiile indiene de astăzi care ar fi putut să scape de acest amestec. Toate populaţiile din zona continentală au o oarecare moştenire de la vest-eurasiatici. Şi totuşi, locuitorii din Micul Andaman nu au nicio urmă de asemenea moştenire. Andamanezii se dovedeau a fi descendenti izolaţi ai „ „
unei vechi populaţii înrudite cu est-asiaticii, care a contribuit la apariţia populaţiei sud-asiatice. Populaţia indigenă din Micul Andaman, deşi numără mai puţin de 100 de indivizi, s-a dovedit a fi cheia pentru

înţelegerea istoriei populaţiei indiene.

## AMESTECAREA ESTULUI CU VESTUL

Cele mai tensionate 24 de ore din întreaga mea carieră ştiinţifică s-au petrecut în octombrie 2008, când eu şi colaboratorul meu, Nick Patterson, am călătorit la Hyderabad să discutăm aceste rezultate iniţiale cu Singh şi Thangaraj.

întâlnirea noastră din 28 octombrie a fost dificilă. Singh şi Thangaraj păreau să amenințe cu respingerea întregului proiect. înaintea întâlnirii, le- am arătat un rezumat al descoperirilor noastre, care arătau că indienii de astăzi provin din amestecul a două populaţii înalt divergente, una fiind „vest- eurasiaticii”. Singh şi Thangaraj s-au opus acestei formulări, deoarece, susţineau ei, asta implica faptul că vest-eurasiatici ar fi migrat în masă în India. în mod corect, ei au subliniat că datele noastre nu reprezentau o

dovadă directă pentru o asemenea concluzie. Ei chiar au argumentat că ar fi putut exista o migraţie în sens invers, a indienilor spre Orientul Apropiat şi Europa. Bazându-se pe propriile lor date despre ADN-ul mitocondrial, le era clar că majoritatea descendenţilor ADN-ului mitocondrial din India de astăzi au locuit în subcontinent vreme de multe zeci de mii de ani.[21] Nu doreau să facă parte dintr-un studiu care sugera o incursiune majoră a vest-eurasiaticilor în India, fără a fi absolut siguri de felul în care datele la nivel de genom se puteau potrivi cu datele obţinute de ei din studierea ADN- ului mitocondrial. De asemenea, ei presupuneau că ideea existenţei unei migraţii dinspre estul Eurasiei ar fi fost explozivă din punct de vedere politic. Nu au spus în mod explicit acest lucru, dar existau subînţelesuri evidente cu privire la ideea că migraţia dinspre exteriorul

Indiei ar fi avut un efect transformator asupra subcontinentului.

Singh şi Thangaraj au sugerat termenul de „împărtăşire genetică” pentru a descrie relaţia dintre vest-eurasiatici şi indieni, o formulare care putea implica o descindere comună dintr-o populaţie ancestrală. Cu toate acestea, noi ştiam, din studiile noastre genetice, că a avut loc un amestec profund între două populaţii diferite, care a contribuit la zestrea genetică a aproape tuturor indienilor care trăiesc astăzi, în timp ce sugestia lor lăsa valabilă posibilitatea de a nu se fi produs niciun fel de amestec. Ajunsesem într-un impas. La momentul respectiv, am simţit că, din consideraţii politice, suntem împiedicaţi să ne prezentăm descoperirile.

în acea seară, în timp ce trosneau artificiile de Diwali, una dintre cele mai importante sărbători ale anului hindus, şi în timp ce copiii aruncau cu pocnitori pe sub roţile

maşinilor care se deplasau în apropierea complexului nostru, eu şi Patterson neam retras în camera de oaspeţi a institutului unde lucrau Singh şi Thangaraj şi am încercat să înţelegem ce anume se petrecea. Rezonanţele culturale ale descoperirilor noastre ne-au devenit clare. Astfel am bâjbâit după o formulare care să fie corectă ştiinţific şi, în acelaşi timp, şi delicată.

în ziua următoare, ne-am reîntrunit în biroul lui Singh. Am stat laolaltă şi am creat noi nume pentru grupuri indiene străvechi. Am scris că oamenii din India de astăzi sunt rezultatul unor amestecuri între două populaţii înalt diferenţiate, „strămoşii nord-indienii” (ANI) şi „strămoşii sud-indieni” (ASI), care înainte de amestec fuseseră la fel de diferiţi între ei precum sunt europenii de est-asiaticii de astăzi. ANI sunt înrudiţi cu europenii, central-asiaticii, cei din Orientul Apropiat şi locuitorii din Caucaz, dar nu am

făcut nicio precizare despre locul lor de origine sau despre vreo migraţie. ASI provin dintr-o populaţie neînrudită cu nicio altă populaţie din afara Indiei de astăzi. Am arătat că ANI si ASI s-au amestecat dramatic în India. Rezultatul a fost că toti cei care trăiesc în subcontinentul indian sunt un amestec, în proporţii diferite, de strămoşi înrudiţi cu vest- eurasiatici şi strămoşi mai îndeaproape înrudiţi cu diversele populaţii est-asiatice şi sud-asiatice. Niciun grup din India nu poate susţine puritate genetică.

## ORIGINE, PUTERE SI DOMINANTĂ SEXUALĂ

Ajungând la această concluzie, am fost capabili să estimăm fracţiunea de moştenire genetică vest- eurasiatică din fiecare grup indian.

Pentru această estimare, am măsurat

gradul de potrivire a genomului vest-eurasiatic cu genomul indian, pe de o parte, şi cu genomul insularilor din Micul Andaman, pe de altă parte. Locuitorii din Micul Andaman au avut un rol crucial aici, deoarece ei sunt înrudiţi (chiar dacă foarte îndepărtat) cu ASI, dar nu au niciun fel de moştenire genetică provenită de la vest-eurasiatici, aşa cum este cazul indienilor din zona continentală, astfel încât i-am putut folosi ca punct de referinţă pentru analiza noastră. Apoi am repetat analizele, înlocuind de această dată genomul indian cu genomul unei persoane din Caucaz, pentru a măsura rata de potrivire la care ne-am fi aşteptat, dacă vreun genom ar fi fost în întregime înrudit cu cel vest-eurasiatic. Comparând cele două numere, puteam să ne întrebăm: „Cât de îndepărtată este fiecare populaţie indiană faţă de o populaţie cu o moştenire integral provenită de la vest-eurasiatici?”

Răspunzând la această întrebare, puteam estima proporţia de moştenire genetică vest-eurasiatică din fiecare populaţie indiană.

în acest studiu iniţial şi în cele care au urmat, cu un număr mare de grupuri indiene, am găsit că amestecul înrudit cu vest-eurasiaticii variază între 20% si 80%.[22] Acest continuum al descendentei populaţiilor din India din vest-eurasiatici este motivul Clinei indiene – gradientul pe care l-am găsit în diagrama componentelor noastre principale. Niciun grup nu a rămas neafectat de amestec, nici castele superioare, nici cele inferioare, inclusiv populaţia tribală non-hindusă care trăieşte în afara sistemului de caste.

Proporţiile amestecului au oferit indicii cu privire la evenimentele din trecut. în primul rând, datele genetice au sugerat limbile vorbite de strămoşii ANI şi ASI. Grupurile

din India care vorbesc limbi indo- europene au, de regulă, o moş-tenire genetică ANI mai mare decât cele care vorbesc o limbă dravidiană, care au o moştenire genetică ASI însemnată. Acest lucru ne-a sugerat faptul că, probabil, strămoşii nord- indieni (ANI) au răspândit limbile indo-europene, în timp ce strămoşii sud-indieni (ASI) le-au răspândit pe cele dravidiene.

Datele genetice au sugerat, de asemenea, statutul social al vechilor ANI (în general, statut social superior) şi ASI (în general, statut social uşor inferior). Grupurile cu statut social mai înalt, din sistemul indian de caste, au de obicei o proporţie mai mare de moştenire genetică ANI decât cele cu un statut social mai scăzut, chiar într-un acelaşi stat din India, unde toti vorbesc o aceeaşi limbă.[23] De exemplu, brahmanii, casta preoţilor, au tendinţa de a avea o moştenire genetică ANI mai semnificativă decât

grupurile printre care trăiesc, chiar şi cele care vorbesc o aceeaşi limbă. Cu toate că există în India grupuri care reprezintă excepţii de la aceste tipare, incluzând situaţii în care întregul grup şi-a schimbat statutul social[23], descoperirile sunt clare din punct de vedere statistic şi sugerează că amestecul ANI-ASI din India antică a apărut în contextul stratificării sociale.

Datele genetice provenite de la indienii de astăzi relevă câte ceva despre istoria diferenţelor de putere socială între bărbaţi si femei. între 20% si 40% dintre bărbaţii indieni şi aproximativ 30 – 50% dintre est-europeni au un tip de cromozom Y care, bazându-ne pe densitatea mutaţiilor care-i separă pe indivizii purtători, a descins, în ultimii 6 800 până la 4 800 de ani, din acelaşi strămos mascul.[25] Din contra, ADN-ul mitocondrial care se transmite pe linie maternă este aproape în totalitate restrâns la

India, sugerând că sar putea să provină aproape în întregime de la ASI, chiar şi în nordul Indiei. Singura explicaţie posibilă pentru acest rezultat este existenţa unei migraţii majore între Eurasia de Vest şi India în Epoca Bronzului sau după aceasta. Masculii cu cromozomul Y de acest tip au avut foarte mulţi descendenţi, în timp ce femeile imigrante au participat mult mai puţin la zestrea genetică a generaţiilor viitoare.

Discrepanţa dintre tiparele cromozomului Y şi cele ale ADN-ului mitocondrial i-a nedumerit iniţial pe istorici.[26] Dar o explicaţie posibilă este aceea că cea mai mare parte a contribuţiei genetice ANI, în India, a provenit de la masculi. Acest tipar de amestec asimetric în rândul unei populaţii este tulburător de familiar. Să luăm exemplul afro-americanilor. Acel aproximativ 20% care provine de la europeni derivă într-un raport

aproximativ de 4:1 din partea masculilor.[27] Să luăm în considerare populaţia latino din Columbia. Acel aproximativ 80% de zestre genetică provenită de la europeni derivă, într-un mod chiar şi mai neechilibrat, de la masculi (50:l).[28] în partea a treia a cărţii, voi discuta cum anume se traduc aceste date în termenii relaţiilor dintre populaţii şi a celor dintre bărbaţi şi femei, dar ideea centrală este că masculii din populaţiile cu o putere mai mare au tendinţa de a se împerechea cu femelele din populaţia cu putere mai mică. Este uimitor faptul că datele genetice ne pot dezvălui astfel de informaţii profunde în legătură cu natura socială a evenimentelor din trecut.

## AMESTECUL POPULAŢIEI LA APUSUL HARAPPEI

Pentru a înţelege ce au însemnat, în

contextul istoriei Indiei, descoperirile noastre despre amestecul populaţional, aveam nevoie să cunoaştem nu numai că a existat un asemenea amestec, ci şi când anume s-a produs acesta.

O posibilitate pe care am luat-o în considerare a fost aceea că acest amestec pe care l-am înregistrat a fost datorat unei migraţii umane importante, la sfârşitul ultimei glaciaţii, de acum aproximativ 14 000 de ani, când îmblânzirea climei a transformat deserturile în terenuri locuibile si a contribuit la alte
modificări ale mediului care i-au determinat pe oameni să circule încoace şi-n colo prin Eurasia.

O a doua posibilitate este aceea că amestecul a reflectat mişcări ale agricultorilor din Orientul Apropiat către Valea Indusului, acum aproximativ 9 000 de ani.

A treia posibilitate este ca amestecul să fi apărut în ultimii 4 000 de ani, perioadă asociată cu dispersia limbilor indo-europene, care sunt astăzi vorbite atât în India, cât şi în Europa. Această variantă se leagă de evenimentele descrise în *Rig Veda.* Oricum ar fi fost, chiar dacă amestecul a avut loc acum 4 000 de ani, este pe de-a-ntregul posibil ca el să se fi produs între populaţiile deja stabilite acolo, dintre care una a migrat către Vest-Eurasia cu câteva secole sau milenii înainte, dar care nu se hibridizase cu ASI, încă.

Toate aceste trei posibilităţi implică, la un moment dat, migraţia dinspre Vest-Eurasia în India. Cu toate că Singh şi Thangaraj susţineau posibilitatea unei migraţii afară din India până în locuri atât de îndepărtate spre vest, precum Europa, pentru a explica înrudirea genetică dintre ANI şi populaţiile vest-eurasiatice, eu am considerat

întotdeauna, bazându-mă pe absenţa oricărei urme de moştenire genetică ASI la majoritatea vest-eurasiaticilor de astăzi şi pe poziţia geografică extremă a Indiei în cadrul distribuţiei de astăzi a oamenilor care poartă o moştenire genetică legată de vest-eurasiatici, că această moştenire împărtăşită reflectă migraţia străveche în Asia de Sud dinspre nord şi dinspre vest. Prin datarea amestecului, am putea obţine informaţii mai concrete.

Provocarea stabilirii unei date ne-a determinat să dezvoltăm o serie de noi metode. Abordarea noastră a fost aceea de a profita de faptul că în prima generaţie după amestecul dintre ANI şi ASI, progenitura lor ar fi avut cromozomi cu o moştenire genetică integrală ANI sau ASI. în fiecare generaţie ulterioară, pe măsură ce indivizii au combinat cromozomii proveniţi de la părinţii lor, pentru a produce cromozomul pe care să-

l transmită progeniturii lor, fragmentele de moştenire genetică ANI şi ASI s-ar fi rupt, cu o frecvenţă de unul sau două puncte de rupere pentru fiecare cromozom, în fiecare generaţie. Măsurând dimensiunea tipică a fragmentelor de moştenire genetică ANI şi ASI la indienii de astăzi şi determinând câte generaţii ar fi fost necesare pentru fragmentarea la dimensiunile de astăzi, Priya Moorjani, o doctorandă din laboratorul meu, a reuşit să estimeze o dată.[29]

Am găsit că, în cazul tuturor grupurilor de indieni pe care le-am analizat, amestecului ANI-ASI datează dintr-o perioadă cuprinsă între acum 4 000 şi acum 2 000 de ani, cu grupurile care vorbesc o limbă indo-europeană, având, în medie, un amestec mai recent decât grupurile care vorbesc dravidiana. Datele care vorbesc despre un amestec mai străvechi în cazul vorbitorilor de dravidiană ne-au surprins. Ne-am fi

aşteptat ca amestecurile cele mai străvechi să fie găsite la grupurile vorbitoare de limbi indo-europene din nord, deoarece acolo probabil a apărut prima dată amestecul. Apoi am realizat că o dată mai veche pentru amestecul cu dravidieni are sens, de fapt, deoarece localizarea de astăzi a oamenilor nu reflectă în mod obligatoriu localizarea lor din trecut. Să presupunem că prima rundă de amestec în India s-a petrecut în nord, cu aproape 4 000 de ani în urmă, si a fost urmată de valuri ulterioare de amestecuri în nordul Indiei, pe măsură ce populaţiile stabilite anterior si oameni cu o moştenire vest-eurasiatică au
venit în contact, în mod repetat, în lungul zonei de graniţă. Oamenii care erau rezultatul primului amestec din nordul Indiei este posibil, în decursul a mii de ani, să se fi amestecat cu sau să fi migrat către sudul Indiei, iar astfel datele despre amestecul

oamenilor din sudul Indiei de astăzi ar fi legate de primul val de amestec. Valurile ulterioare de amestecuri dintre oamenii înrudiţi cu vest-eurasienii şi grupurile nord-indiene ar fi putut avea loc la o dată, în medie, mai recentă decât data amestecului cu sud-indienii. O privire mai profundă asupra datelor genetice confirmă teoria valurilor multiple de amestec între oamenii cu o moştenire genetică ANI în nord. Intercalate între fragmentele scurte de ADN derivate din ANI, pe care le găsim la nord-indieni, am mai găsit şi fragmente destul de lungi de ADN provenit tot de la ANI, ceea ce trebuie că reflectă amestecuri recente cu oameni care aveau o moştenire genetică redusă sau chiar absentă de la ASI.[30]

în mod remarcabil, tiparele pe care le-am observat erau concordante cu ipoteza că toate amestecurile între indivizi cu moştenire genetică ANI şi ASI, care au avut loc în

istoria unora dintre grupurile indiene de astăzi, s-au petrecut în decursul ultimilor 4 000 de ani. Acest lucru înseamnă că structura populaţiei din India, de dinainte de acum 4 000 de ani, era profund diferită de cea de astăzi. înainte de această perioadă, populaţiile nu erau amestecate, după acest moment însă, a existat un amestec convulsiv în India, care a afectat aproape fiecare grup.

Deci în perioada dintre acum 4 000 şi acum 3 000 de ani – atunci când s-a prăbuşit civilizaţia Văii Indusului şi a fost compusă *Rig Veda* – a existat un amestec profund de populaţii care fuseseră segregate înainte. Astăzi, în India, oamenii care vorbesc limbi diferite şi au statuturi sociale diferite au proporţii diferite de moştenire genetică ANI în genomurile lor. Astăzi, moştenirea genetică ANI în India derivă mai mult de la bărbaţi decât de la femei. Acest tipar este exact cel la care ne-am fi aşteptat de la o

populaţie vorbitoare de limbă indo-europeanâ care a preluat frâiele puterii politice şi sociale, acum 4 000 de ani, şi s-a amestecat cu o populaţia locală dintr-o societate stratificată, bărbaţii din grupurile aflate la putere având mai mult succes în a-şi găsi partenere decât aceia din grupurile defavorizate.

## VECHIMEA CASTELOR

Cum se face că urmele genetice ale acestor evenimente străvechi nu s-au estompat, până la a nu mai putea fi recunoscute, după mii de ani de istorie?

Una dintre caracteristicele cele mai distinctive ale societăţii indiene tradiţionale este casta – un sistem

de stratificare socială care determină cu cine te poţi căsători şi care sunt privilegiile şi rolurile pe care le ai în societate. Natura

represivă a castei a dat naştere, ca răspuns, religiilor majore – jainism, budism şi sikhism – fiecare dintre ele oferind un refugiu faţă de sistemul de caste. Succesul Islamului în India a fost, de asemenea, alimentat de scăparea pe care a oferit-o grupurilor cu statut social inferior, care s-au convertit în masă la noua religie a conducătorilor moguli. Casta a fost scoasă în afara legii în 1947, odată cu naşterea Indiei democratice, dar tot mai hotărăşte şi astăzi care sunt oamenii cu care poţi să te aduni şi să te căsătoreşti.

0 definiţie sociologică a castei este un grup care interactionează economic cu oamenii din afara sa (prin roluri economice specializate), dar se segregă social prin endogamie (care previne căsătoria cu oameni din afara castei). Evreii din nord-estul Europei, din care descind şi eu, erau, înainte de „emanciparea evreilor”, care a început la sfârşitul secolului al XVIII-lea, o castă în ţări

în care nu toate grupurile erau caste. Evreii au îndeplinit o funcţie economică în calitate de cămătari, vânzători de băuturi, comercianţi şi meşteşugari pentru populaţia în cadrul căreia trăiau. Evreii religioşi, atunci ca şi acum, s-au segregat social prin regim alimentar (legile kosher), vestimentaţie aparte, modificarea corpului (circumcizia bărbaţilor) şi interdicţii cu privire la căsătoria cu persoane din afara etniei.

în India, casta este organizată pe două niveluri, *varna* şi *jati.*[31] Sistemul *vama* implică stratificarea întregii societăţi în cel puţin patru ranguri: la vârf, preoţii (Brahmanii) şi grupul războinicilor (Kşatriya); la mijloc, comercianţii, agricultorii şi artizanii (Vaisya); iar în cele din urmă, castele cele mai de jos (Sudras), care sunt muncitorii. Mai există, de asemenea, chandalas sau daliţii – „castele înregistrate” (paria, cei de neatins) – oameni consideraţi a fi atât de jos,

încât sunt „de neatins” şi sunt excluşi din societatea normală. în final, sunt „triburile înregistrate”, denumire oficială dată de guvern pentru oamenii care sunt în afara hinduismului şi nu sunt nici musulmani, nici creştini. Sistemul de caste este o parte fundamentală a societăţii hinduse traditionale si este descris în detaliu în numeroase texte religioase (Vedas) care au fost compuse după *Rig Veda.*

Sistemul *jati,* pe care puţini oameni din afara Indiei îl înţeleg, este mult mai complicat şi implică cel puţin 4 600 de grupuri sau, după alţii, în jur de 40 000 de grupuri endogame.[32] Fiecăreia îi este desemnat un rang particular în sistemul *vama,* dar regulile puternice şi complicate ale endogamiei îi împiedică pe oamenii din jati-urile cele mai diferite să se amestece între ele, chiar dacă au un acelaşi nivel *varna.* Este, de asemenea, clar că, în trecut,

grupuri întregi de *jati* şi-au schimbat rangul *varna.* De exemplu, Gujjar *jati* (de unde îşi ia numele statul Gujarat, din nord-vestul Indiei) au o varietate de ranguri depinzând de locul unde trăiesc în India, ceea ce pare să reflecte faptul că, în anumite regiuni, Gujjarii au reuşit cu succes să-şi crească statutul *jati*-ului lor în cadrul ierarhiei varna.[33]

Cum anume sunt legate între ele *varna* şi *jati* este un mister intens dezbătut. O ipoteză sugerată de antropologul Irawati Karve susţine că, în urmă cu mii de ani, populaţiile Indiei trăiau în grupuri tribale endogame, care nu se amestecau între ele, la fel ca multe grupuri tribale din alte părţi ale lumii.[34] Elitele politice s-au retras la vârful sistemului social (ca preoţi, regi şi negustori), creând un sistem stratificat în care grupurile tribale erau incorporate în societate sub forma de grupuri muncitoare care rămâneau la baza societăţii ca Sudras şi

Daliţi. Organizarea tribală a fost deci contopită cu un sistem de stratificare socială pentru a forma *jati* timpurii şi, în cele din urmă, structura *jati* a ajuns până la cele mai înalte ranguri sociale, astfel încât astăzi există numeroase *jati* atât în castele superioare, cât şi în cele de rang inferior. Aceste grupuri tribale ancestrale şi-au păstrat caracteristicile distinctive prin sistemul de caste şi regulile endogamiei.

O ipoteză alternativă este că regulile foarte stricte ale endogamiei nu sunt deloc foarte vechi. Teoria sistemului de caste este, fără îndoială, veche, aşa după cum este descrisă în vechia *Carte a legii lui Mânu,* un text hindus compus la câteva sute de ani după *Rig Veda. Cartea legii lui Mânu* descrie în mare amănunt sistemul *vama* de stratificare a societăţii pe ranguri şi, în cadrul lor, nenumăratele grupuri *jati.* întregul sistem este pus într-un cadru religios, justificându-i

existenţa ca parte a ordinii naturale a vieţii. Cu toate acestea, istoricii revizionişti, conduşi de antropologul Nicholas Dirks, au susţinut că, în realitate, endogamia strictă nu a fost practicată în India antică, ci este, în mare parte, o inovaţie a colonialismului britanic.[35] Dirks şi colegii au arătat că, pentru a putea conduce efectiv India, politica britanică de la începutul secolului al XVIII-lea a fost aceea de a întări sistemul de caste, croind astfel un loc natural în societatea indiană, sub forma unei noi caste, pentru colonialiştii britanici. Pentru a realiza aceasta, britanicii au întărit instituţia castelor, în zone ale Indiei unde nu era foarte importantă, şi au lucrat la armonizarea regulilor castelor în diferite regiuni. Dirks sugerează că, date fiind aceste eforturi ale britanicilor, este posibil ca restricţiile severe ale endogamiei, aşa cum se manifestă în castele de astăzi, să nu fi fost atât de vechi

pe cât se pare.

Pentru a înţelege măsura în care *jati* corespundeau tiparelor genetice reale, am examinat gradul de diferenţiere genetică între fiecare *jati* din care aveam date şi toate celelalte, bazându-ne pe diferenţe în privinţa frecvenţei mutaţiilor.[36] Am găsit că gradul de diferenţiere era de trei ori mai mare decât cel dintre grupuri europene separate prin distanţe geografice comparabile. Acest fapt nu ar putea fi explicat prin diferenţele în moştenirea genetică ANI între diferitele grupuri, prin diferenţele dintre diferitele regiuni din India, din care a provenit populaţia respectivă, sau prin diferenţe de statut social. Chiar şi atunci când am comparat perechi de grupuri care se potriveau conform acestor criterii, am descoperit că gradul de diferenţiere genetică dintre grupurile indiene era de câteva ori mai mare decât cel întâlnit în Europa.

Aceste descoperiri ne-au determinat să presupunem că multe grupuri indiene de astăzi ar putea fi rezultatul „gâtuirilor genetice” (în 1b. engl., population bottleneck – eveniment prin care o populaţie este eliminată sau împiedicată să participe la reproducere, n. tr.). Acestea apar atunci când un număr relativ mic de indivizi au multi descendenti, iar aceştia, la rândul lor, au multi descendenti si rămân izolaţi genetic de oamenii din jurul lor, din cauza unor bariere sociale sau geografice. Gâtuirile genetice faimoase din istoria populaţiilor cu origine europeană le includ pe cele care au contribuit cel mai mult la moştenirea genetică a populaţiei finlandeze (acum aproximativ 2 000 de ani), la moştenirea genetică a evreilor aşkenazi de astăzi (acum aproximativ 600 de ani) şi la cea mai mare parte a moştenirii genetice a dizidenţilor religioşi precum huteriţii şi

amish care, în cele din urmă, au migrat în America de Nord (acum aproximativ 300 de ani). în fiecare dintre aceste cazuri, o rată reproductivă crescută, în cadrul unui grup având un număr mic de indivizi, a dus la creşterea frecvenţei apariţiei mutaţiilor rare, purtate de acei indivizi, la progeniturilor lor.[37]

Am căutat semne ale unor astfel de gâtuiri genetice în India şi le-am găsit: fragmente lungi de secvenţe genetice identice între perechi de indivizi din cadrul aceluiaşi grup. Singura explicaţie posibilă pentru prezenţa unor astfel de segmente este că cei doi indivizi descind dintr-un strămos care a trăit în ultimele câteva mii de ani şi care avea respectivul ADN. în plus, dimensiunea medie a segmentelor comune de ADN relevă cât de mult timp a trecut de când a trăit acest strămoş comun, deoarece segmentele comune se fragmentează, cu o rată

constantă, la fiecare generaţie, prin procesul de recombinare.

Datele genetice au evidenţiat o istorie clară. în jur de o treime dintre grupurile de indieni au trecut prin gâtuirii genetice la fel de puternice sau chiar mai severe decât cele întâlnite la finlandezi sau la evreii aşkenazi. Ulterior am confirmat aceste descoperiri într-un set şi mai mare de date pe care l-am colectat lucrând cu Thangaraj: date genetice provenite de la peste 250 de grupuri *jati* din întreaga Indie.[38]

Multe dintre gâtuirile genetice din India erau, de asemenea, extrem de vechi. Una dintre cele mai spectaculoase a fost descoperită la populaţia Vysya din statul Andhra Pradesh, din sudul Indiei, un grup de aproximativ 5 milioane de oameni, dintr-o castă medie, a cărei gâtuiri genetică am putut-o data (după lungimea segmentelor comune întâlnite la indivizii din aceeaşi

populaţie) ca fiind de acum 3 000 – 2 000 de ani.

Observarea unei gâtuiri genetice atât de puternice la strămoşii Vysya a fost şocantă. însemna că, după gâtuirea genetică, strămoşii Vysya au menţinut o endogamie strictă, nepermiţând practic niciun amestec genetic în grupul lor, timp de mii de ani. Chiar şi o rată medie de influx genetic în Vysya, de numai 1% pe generaţie, ar fi şters semnalul genetic al gâtuirii genetice. Strămoşii Vysya nu au trăit în izolare geografică. Ei au trăit cot la cot cu alte grupuri, într-o regiune dens populată a Indiei. în ciuda apropierii de celelalte grupuri, regulile endogamiei şi identitatea de grup a Vysya au fost atât de puternice, încât s-au menţinut într-o izolare socială strictă fată de vecinii lor si au transmis această cultură a izolării sociale din generaţie în generaţie.

Iar Vysya nu era unica populaţie de acest fel. 0 treime dintre grupurile pe care le-am studiat prezintă semnale asemănătoare, ceea ce sugerează faptul că, în India, există mii de grupuri ca acesta. într-adevăr, este posibil chiar să fi subestimat proporţia de grupuri din India, afectate de endogamia pe termen lung. Pentru a prezenta un semnal, un grup trebuia să fi trecut printr-o gâtuire genetică. Grupurile care provin dintr-un număr larg de fondatori, dar care, în acelaşi timp, menţin o endogamie strictă, este posibil să fi scăpat analizei noastre statistice. Mai degrabă decât o invenţie colonialistă, după cum sugera Dirks, endogamia pe termen lung, aşa cum este ea reflectată în India de astăzi, prin instituţia castelor, a fost extrem de importantă timp de milenii.

Aflarea acestor caracteristici ale istoriei Indiei a avut o rezonanţă puternică pentru mine. Când am început să lucrez cu grupurile

indiene, am făcut-o în calitate de evreu aşkenazi, membru al unei caste antice din vestul Eurasiei. Nu mă simţeam confortabil cu apartenenţa mea, dar nu îmi dădeam foarte bine seama ce anume mă deranja. Studiile mele legate de India mi-au cristalizat acest disconfort. Nu am cum să scap de fondul meu ca evreu. Am fost crescut de părinţi a căror cea mai mare prioritate era deschiderea către lumea seculară, dar care fuseseră crescuţi într-o comunitate profund religioasă şi erau copii ai refugiaţilor din calea persecuţiilor din Europa, fapt care le-a lăsat un sentiment puternic al diferenţei entice. Când eram mic, respectam regimul alimentar evreiesc, acasă – cred că părinţii mei au făcut acest lucru, în parte, în speranţa că familiile lor se vor simţi bine mâncând la noi acasă –, am mers timp de 9 ani la o şcoală evreiască şi mi-am petrecut multe veri în Ierusalim. De la părinţii mei, ca şi din partea

bunicilor şi verilor mei, mi-am fost impregnat un profund simţ al diferenţei – sentimentul că grupul nostru este special – şi cunoaşterea faptului că voi fi un motiv de dezamăgire şi jenă, dacă nu mă voi căsători cu o evreică (convingere care a avut, de asemenea, un efect puternic asupra fraţilor mei). Cu siguranţă, preocuparea mea de a nu-mi dezamăgi familia nu se compară cu ruşinea, izolarea şi violenţa la care te poţi aştepta, în India, dacă îţi alegi un partener din afara grupului. Şi totuşi, perspectiva mea de evreu ma făcut să empatizez puternic cu toţi acei Romeo şi Juliete de pe parcursul miilor de ani de istorie indiană ale căror iubiri în afara grupului etnic au fost strivite de castă. Identitatea mea evreiască m-a ajutat, de asemenea, să înţeleg, în mod visceral, cum de această instituţie a reuşit să se auto-perpetueze cu succes un timp atât de îndelungat.

Ceea ce ne-au arătat datele a fost că diferentele genetice dintre grupurile *jati* din India erau, în multe
cazuri, reale, graţie lungii istorii de endogamie din cuprinsul subcontinentului. Oamenii au tendinţa să se gândească la India, cu cei peste 1,3 miliarde de locuitori ai săi, ca având o populaţie extrem de mare şi, într-adevăr, mulţi indieni, ca şi străinii, văd lucrurile în acest fel. Dar, din punct de vedere genetic, aceasta este o modalitate incorectă de a privi situaţia. Chinezii han sunt cu adevărat o populaţie mare. Ei s-au amestecat liber timp de mii de ani. în schimb, există puţine grupuri indiene, sau poate niciunul, care să fie foarte mari din punct de vedere demografic, iar gradul de diferenţiere genetică dintre grupurile *jati* de indieni, care trăiesc unele lângă altele, în acelaşi sat, este în medie de două-trei ori mai mare decât diferenţa genetică dintre europenii din nord

si cei din sud.[39] Adevărul este că India este alcătuită dintr-un mare număr de populaţii mici.

## GENETICA, ISTORIA ŞI SĂNĂTATEA INDIANĂ

Grupurile cu moştenire genetică europeană, care au experimentat gâtuirii genetice, precum evreii aşkenazi, finlandezii, huteriţii, amish, canadienii francezi din regiunea Saguenay-Lac-St.-Jean şi alţii, au fost subiectul unor studii nesfârşite şi productive întreprinse de cercetătorii din domeniul medicinei. Din cauza gâtuirilor genetice, frecvenţa mutaţiilor care produc boli rare, care s-au întâmplat să fie prezente la indivizii fondatori, a crescut dramatic. Mutaţii rare, care sunt lipsite de nocivitate atunci când o persoană moşteneşte o singură copie, de la un singur părinte – adică au caracter recesiv, ceea ce înseamnă că este

nevoie de două copii pentru apariţia bolii – pot deveni letale atunci când se moştenesc copii ale acestor mutaţii de la ambii părinţi. Totuşi, atunci când frecvenţa acestor mutaţii creşte, din cauza gâtuirii genetice, există o şansă crescută ca indivizi din populaţie să moştenească aceeaşi mutaţie de la ambii părinţi. De exemplu, la evreii askenazi există o incidenţă crescută a unei boli devastatoare[*], Tay Sachs, care provoacă degenerarea cerebrală şi moartea în primii câţiva ani de viaţă. Unul dintre verii mei primari a murit la câteva luni de la naştere din cauza unei boli prezente la strămoşii populaţiei, numită sindromul Zellweger, iar unul dintre verii primari ai mamei mele a murit tânăr, din cauza sindromului Riley-Day, sau disautonomie familială, o altă boală provenită de la fondatorii populaţiei aşkenazi. Au fost identificate sute de astfel de boli, iar genele răspunzătoare au fost

identificate în populaţiile fondatoare europene, inclusiv în cea a evreilor aşkenazi. Aceste descoperiri au dus la înţelegerea profundă a unor fenomene biologice şi, în câteva cazuri, la dezvoltarea de medicamente care contracarează efectul genelor defecte.

India are, cu siguranţă, cu mult mai mulţi oameni care aparţin unor grupuri care au trecut prin fenomenul gâtuirii genetice, deoarece populaţia ţării este uriaşă şi aproximativ o treime dintre grupurile *jati* indiene provin din astfel de gâtuiri la fel sau chiar mai puternice decât cele care au fost prezente în istoria evreilor askenazi sau a finlandezilor. Din
această cauză, căutarea genelor răspunzătoare de boli, la aceste grupuri indiene, are potenţialul de a identifica factorii de risc pentru mii de boli. în ciuda faptului că nimeni nu a căutat în mod sistematic, câteva astfel de cazuri sunt deja

cunoscute. De exemplu, populaţia Vysya este cunoscută ca având o rată crescută de paralizie musculară ca răspuns la relaxantii musculari administraţi înaintea unei [5] * intervenţii chirurgicale. în consecinţă, clinicienii din India ştiu să nu administreze astfel de medicamente oamenilor cu o origine Vysya. Boala este datorată nivelurilor scăzute ale proteinei butirilcolinesterază la unii indivizi Vysya. Studiile genetice au arătat că această stare patologică este datorată unei mutaţii recesive care apare la aproximativ 20% dintre Vysya, o rată cu mult mai mare decât la toate celelalte grupurile indiene, probabil din cauză că mutaţia a apărut la unul dintre fondatorii Vysya.[40] Această frecventă este suficient de mare, încât mutatia să apară în două copii la aproximativ 4% dintre indivizii Vysya, provocând reacţii dezastruoase la oamenii care au această mutaţie şi care sunt supuşi unei anestezii.

După cum exemplul Vysya demonstrează, istoria Indiei reprezintă o ocazie importantă pentru descoperiri biologice, deoarece găsirea unor gene care provoacă boli recesive rare, cu ajutorul tehnologiei moderne, este ieftină. Nu este nevoie decât de accesul la un mic număr de oameni dintr-un grup *jati,* care să aibă respectiva boală, şi ale căror genomuri să fie secvenţiale. Metodele genetice pot identifica, dintre miile de grupuri indiene existente, pe acelea care au trecut printr-o gâtuire genetică severă. Medicii locali şi moaşele pot identifica sindroamele care apar cu o frecvenţă crescută într-un anumit grup. Este sigur că medicii locali, care au asistat la naşterea a mii de copii, vor şti că anumite boli şi malformaţii apar mai frecvent în unele grupuri decât în altele. Aceasta este toată informaţia de care este nevoie pentru a colecta câteva probe de sânge pentru analiza

genetică. Odată ce aceste probe sunt disponibile, munca genetică pentru găsirea genelor răspunzătoare este simplă.

Ocazia de a face o schimbare de ordin medical în India prin urmărirea bolilor recesive rare este deosebit de mare, deoarece căsătoriile aranjate sunt foarte obişnuite. Oricât de mult as considera eu aceste restricţii în privinţa căsătoriilor ca fiind jenante, căsătoriile aranjate sunt o realitate în numeroase comunităţi din India – asa cum sunt si în comunitatea evreiască ultraortodoxă. Unii dintre verii mei primari din comunitatea de evrei ortodocşi aşkenazi şi-au găsit perechea în acest fel. în această comunitate religioasă, o organizaţie de testare genetică, fondată de Rabbi Josef Ekstein, în 1983, după ce şi-a pierdut patru dintre propriii copii din cauza bolii Tay Sachs, a dus aproape la eliminarea multora

dintre aceste boli recesive.[41] în multe licee religioase ortodoxe din Statele Unite şi Israel, aproape toţi adolescenţii sunt testaţi pentru a se stabili dacă sunt purtători ai unor mutaţii rare, care produc boli recesive frecvente în comunitatea evreiască aşkenazi. Cei care sunt purtători, nu sunt niciodată prezentaţi de peţitoare altor adolescenţi care poartă aceeaşi mutaţie. Există posibilitatea realizării aceluiaşi lucru şi în India, dar în loc să afecteze câteva sute de mii de oameni, în India această abordare ar putea avea impact asupra a sute de milioane de oameni.

## POVESTEA A DOUĂ SUBCONTINENTE: ISTORIA PARALELĂ A INDIEI SI A EUROPEI

Până în 2016, studiile genetice pe grupurile din India s-au focalizat pe ANI şi ASI: cele două populaţii care s-au amestecat în

proporţii diferite pentru a produce marea diversitate a grupurilor endogame pe care le întâlnim si astăzi.

Dar acest lucru s-a schimbat în 2016, când diferite laboratoare, inclusiv laboratorul meu, au publicat primul ADN ancestral la nivel de genom, de la unii dintre cei mai timpurii agricultori, oameni care au trăit acum 11 000 – 8 000 de ani în urmă în locaţii din actualele Israel, Iordania, Anatolia şi Iran.[42] Atunci când am studiat modul în care erau înrudiţi aceşti agricultori timpurii din Orientul Apropiat cu oamenii care trăiesc astăzi, am găsit că europenii contemporani au o afinitate genetică puternică cu agricultorii din Anatolia, fapt concordant cu migraţia agricultorilor anatolieni în Europa, începând cu 9 000 de ani în urmă. Oamenii care locuiesc în prezent în India au o afinitate puternică cu agricultorii străvechi din Iran, fapt care sugerează că expansiunea

agricultorilor din Orientul Apropiat spre est, în Valea Indusului, de acum 9 000 de ani, a avut un impact la fel de important asupra populaţiei Indiei.[43] Dar studiile noastre au mai arătat si că oamenii actuali din India au o afinitate genetică importantă cu păstorii străvechi din stepă. Cum ar putea dovezile genetice ale unui impact al expansiunii agricultorilor iranieni asupra populaţiei indiene să se potrivească cu dovezile referitoare la expansiunea din direcţia stepei? Situaţia era asemănătoare cu ceea ce găsisem cu vreo doi ani înainte în Europa, în care populaţiile actuale sunt un amestec nu numai de vânător- culegători indigeni cu agricultorii care au migrat aici, dar şi cu un al treilea grup major, originar din stepă.

Pentru a ajunge la o oarecare înţelegere, Iosif Lazaridis, cercetător în laboratorul meu, a creat modele matematice pentru grupurile prezente azi în India, privite ca un amestec

de populaţii înrudite cu insularii din Micul Andaman, străvechii agricultori din Iran şi vechii păstori din stepă. Ceea ce a descoperit a fost că, aproape fiecare grup din India are o moştenire genetică provenită de la toate aceste trei populaţii.[44] Nick Patterson a combinat apoi datele de la aproximativ 150 de grupuri indiene de astăzi pentru a veni cu un model unificator, care i-a permis să obţină o estimare precisă a contribuţiei acestor trei populaţii ancestrale la indienii actuali.

Atunci când Patterson a presupus ce ar fi fost de aşteptat în cazul unei populaţii cu moştenire complet ANI – care să nu aibă nicio urmă de moştenire genetică andamaneză el a determinat că această populaţie ar fi fost un amestec între cei cu o moştenire genetică provenită de la agricultorii iranieni şi cei cu moştenirea genetică provenită de la păstorii din stepă. Dar atunci când a presupus ce ar fi de

aşteptat de la o populaţie cu moştenire genetică integrală ASI – una fără nicio moştenire genetică Yamnaya a găsit că şi aceasta ar trebui să aibă o zestre genetică substanţială provenită de la agricultorii iranieni (restul provenind de la strămoşi din Micul Andaman).

Aceasta a fost o mare surpriză. Descoperirea faptului că atât ANI, cât şi ASI au proporţii mari de moştenire genetică de la agricultorii iranieni a însemnat că ne-am înşelat când am presupus iniţial că una dintre cele două mari populaţii de pe Clina indiană nu avea strămoşi vest-eurasiatici. în schimb, a reieşit că urmaşii agricultorilor iranieni au avut un impact major asupra Indiei, în două rânduri, amestecându-se atât cu ANI, cât şi cu ASI.

Patterson a propus o revizuire majoră a modelului nostru de lucru referitor la istoria profundă a Indiei.[45] ANI erau un amestec de

aproximativ 50% urmaşi ai locuitorilor stepei, înrudiţi de departe cu Yamnaya, şi 50% urmaşi ai agricultorilor iranieni din grupurile pe care oamenii din stepă i-au întâlnit în timp ce se extindeau către sud. ASI au fost şi ei un amestec, o fuziune dintre o populaţie care provenea din agricultorii mai timpurii care s-au extins din Iran (aproximativ 25%) şi vânător-culegătorii stabiliţi anterior în sudul Asiei (aproximativ 75% din zestrea lor genetică). Aşadar, ASI nu au fost probabil populaţia de vânător-culegători anterior stabilită din India, ci ar fi putut să fie poporul răspunzător de răspândirea agriculturii din Orientul Apropiat în teritoriul sud-asiatic. Pe baza corelaţiei înalte a strămoşilor ASI cu limbile dravidiene, pare posibil ca formarea ASI să fi fost procesul prin care s-au răspândit aceste limbi.

Aceste rezultate relevă o mare paralelă între preistoriile a două subcontinente, de

dimensiuni asemănătoare, ale Eurasiei – Europa şi India. în ambele regiuni, agricultorii care au migrat din zona originară a Orientului Apropiat, acum aproximativ 9 000 de ani – în Europa, cei din Anatolia şi în India, cei din Iran – au adus cu ei o tehnologie transformatoare si s-au amestecat cu vânător- culegătorii stabiliţi anterior, formând noi grupuri amestecate în perioada cuprinsă între 9 000 şi 4 000 de ani în urmă. Ambele subcontinente au fost apoi afectate de o a doua migraţie majoră mai târzie, care a pornit din stepă, de unde păstorii Yamnaya, care vorbeau o limbă indo-europeană, s-au amestecat cu populaţia de agricultori anterior stabilită acolo, pe care au întâlnit-o în drum, dând naştere, în Europa, populaţiei asociate culturii ceramicii cordate, iar în India, în cele din urmă, populaţiei ANI. Aceste populaţii, cu moştenire genetică provenită din încrucişarea celor din stepă cu

agricultorii ancestrali, s-au amestecat apoi cu agricultorii stabiliţi anterior în regiunile respective, formând gradienţii de amestec pe care îi întâlnim astăzi în ambele subcontinente.

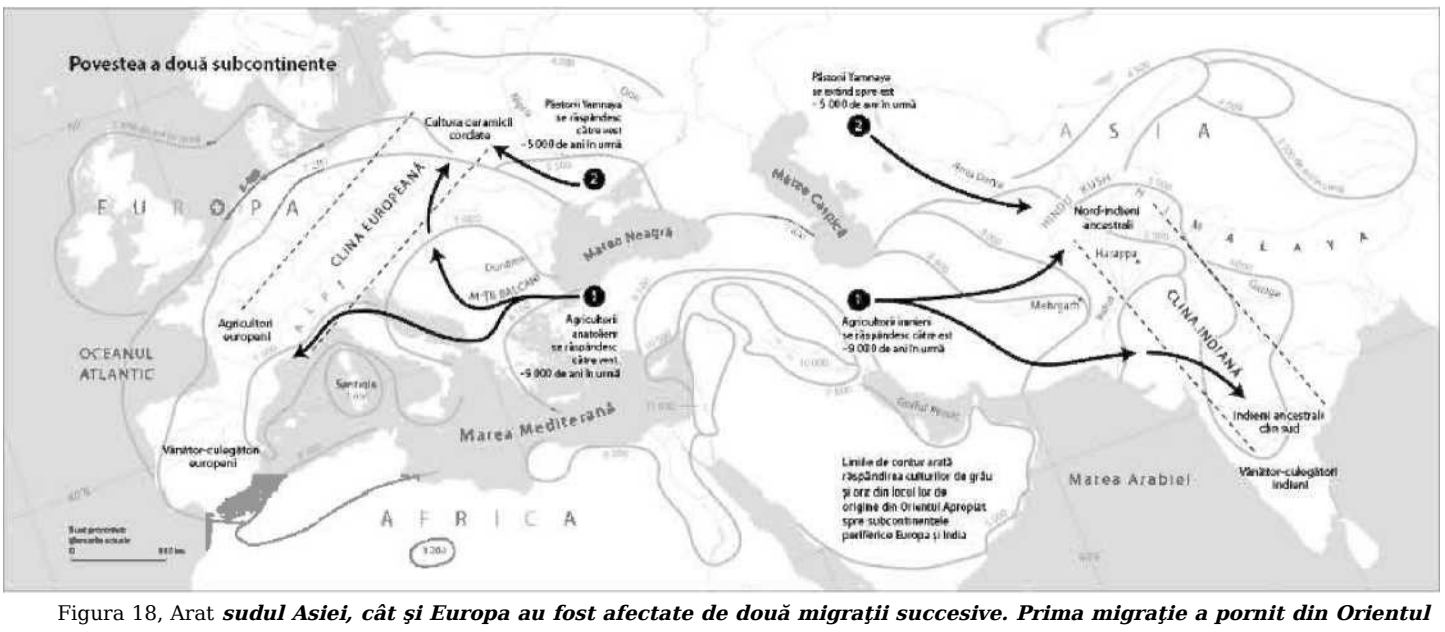

Povestea a două subcontinente
EUROPA
ASIA
AFRICA
OCEANUL ATLANTIC
Marea Mediterană
Marea Neagră
Marea Arabiei
Munții Caucaz
Munții Himalaya
CLINA EUROPEANĂ
CLINA INDIANĂ
Cultura ceramicii cordate
Agricultori europeni
Vânători-culegători europeni
Agricultori anatolieni se răspândesc către vest ~9 000 de ani în urmă
Păstorii Yamnaya se răspândesc către vest ~5 000 de ani în urmă
Păstorii Yamnaya se extind spre est ~5 000 de ani în urmă
Agricultorii iranieni se răspândesc către est ~9 000 de ani în urmă
Nord-indieni ancestrali
Harappa
Mehrgarh
Indieni ancestrali din sud
Vânători-culegători indieni
Liniile de contur arată răspândirea culturilor de grâu și orz din locul lor de origine din Orientul Apropiat spre subcontinentele periferice Europa și India

Figura 18, Arat ***sudul Asiei, cât şi Europa au fost afectate de două migraţii succesive. Prima migraţie a pornit din Orientul Apropiat, acum aproximativ 9 uoo de ani (1), şi a adus agricultorii care s-au amestecat cu populaţiile locale de vânător-culegători. A doua migraţie a provenit din stepă, acum aproximativ 5 de ani*** (2), şi a ***adus păstorii care probabil vorbeau o limbă indo-europeană*** şi ***care s-au amestecat cu agricultorii locali pe care i-au întâlnit pe drum. Amestecurile acestor doua grupuri deja încrucişate au format apoi doi gradienţi de moştenire genetică: unul*** în ***Europa*** şi ***celălalt în India,***

Populaţiile Yamnaya – despre care datele genetice arată că ar fi fost îndeaproape înrudite cu sursa moştenirii genetice din stepă atât în India, cât şi în Europa – sunt candidaţi evidenţi pentru răspândirea limbilor indo-europene în ambele subcontinente ale Eurasiei. în mod remarcabil, analiza lui Patterson referitoare la istoria Indiei a oferit un argument în plus în această direcţie. Al său model al Clinei indiene s-a bazat pe ideea unui amestec simplu între două populaţii ancestrale, ANI şi ASI. Dar când s-a uitat cu mai mare atentie si a testat fiecare dintre grupurile Clinei indiene, pentru a vedea dacă se potrivesc cu modelul, a descoperit că existau şase grupuri care nu corespundeau, în sensul că aveau un raport mai mare de moştenire genetică provenită de la locuitorii stepei, comparativ cu cea provenită de la agricultorii iranieni, decât prognozase modelul. Toate aceste şase grupuri sunt în *vama* brahmanilor – cu un rol tradiţional în societate ca preoţi şi custozi ai textelor străvechi, scrise în sanscrita indo-europeană – în ciuda faptului că brahmanii nu reprezentau decât aproximativ 10% din grupurile pe care le testase Patterson. O explicaţie naturală a acestui fapt a fost aceea că ANI nu reprezenta o populaţie omogenă atunci când s-a amestecat cu ASI, ci, în schimb, conţinea subgrupuri distincte din punct de vedere social, cu proporţii caracteristice de moştenire genetică din stepă şi de la agricultorii iranieni. Custozii limbii şi culturii indo-europene erau aceia cu o moştenire genetică provenită din stepă relativ mai mare,

şi din cauza forţei deosebite a sistemului de caste în conservarea moştenirii si a rolului lor social de-a lungul generaţiilor, substructura străveche ANI este evidentă la unii brahmani de astăzi, chiar şi după mii de ani. Această descoperire a oferit şi o altă serie de dovezi în favoarea ipotezei stepei, arătând că nu numai limbile indo-europene, dar şi cultura indo-europeană reflectată în religie, păstrată timp de mii de ani de către preoţii brahmani, a fost răspândită în mod asemănător de către oameni ai căror strămoşi erau originari din stepă.

Tabloul mişcărilor populaţiei din India nu este la fel de clar precum cel al celei din Europa, din cauza lipsei ADN-ului ancestral din Asia de Sud. Un mister deosebit îl reprezintă descendenţa oamenilor aparţinând civilizaţiei Văii Indusului, care erau răspândiţi de-a lungul Văii Indusului şi a unor zone din nordul Indiei în perioada de acum 45 000 – 38 000 de ani şi care se găseau la răscrucea tuturor acestor mari mişcări străvechi de populaţii. încă nu am obtinut ADN ancestral de la oamenii civilizaţiei

J- I

Văii Indusului, însă multe echipe de cercetare, inclusiv cele conduse de mine, au făcut din acest lucru un scop. La o întâlnire de laborator din 2015, analiştii din grupul nostru au făcut pariuri privind ascendenţa genetică probabilă a oamenilor din civilizaţia Văii Indusului, iar toate erau extrem de diferite. în acest moment, trei variante foarte diferite sunt încă valabile. Una dintre variante presupune că oamenii civilizaţiei Văii Indusului ar fi fost descendenţii neamestecaţi

ai primilor agricultori iranieni din regiune, care vorbeau o limbă dravidiană timpurie. A doua posibilitate este că ei erau ASI – o populaţie de oameni deja amestecaţi, înrudiţi cu agricultorii din Iran şi cu vânător-culegătorii din sudul Asiei –, iar dacă este aşa, probabil că şi aceştia vorbeau o limbă dravidiană. A treia posibilitate este aceea că ei erau ANI, deja un amestec între strămoşii oamenilor din stepă şi cei ai agricultorilor iranieni şi că vorbeau o limbă indo-europeană. Aceste scenarii au implicaţii foarte diferite, dar cu ajutorul ADN-ului ancestral, acest mister şi altele din trecutul indian vor fi curând rezolvate.

# Migraţiile în Americi

>15 OOO de ani În urmă
Dau minima a răspândirii oamenilor din Asia in Americi

14600- 14 200 de ani în urma Peşterile Monte Verde şi Paisley atesta prezenra oamenilor

13 000 – 11 000 de ani în urma Oamenii moderni se răspândesc in America temperată

Data nesigură
Sosirea populaţiei

~12 600 de ani În urma
Schelet de copil cu pnma moştenire genetică

20 000 de anim

-16 000 de ani in
Drumul de coastă devine practicabil prin topirea

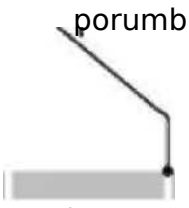
-13 000 de ani În urma
Se deschide drumul prin coridorul fără gheaţă

**PERIOADA DE**

Prezen

-500 de ani În urmă
Sosirea europenilor şi africanilor transformă structura populaţiei din Americi.

-6000 de ani
În urma
începe
folosirea
porumbului



5000-4000 de ani
În urma Primele civilizaţii

-l 000 de ani în urma
Strămoşii vorbitorilor de eschimo-aleută se răspândesc din Asia m zona arctică americana

7 000 de am în

3 000

Prezent

-8 500 de ani în urma Scheletul Kennewick

-5 000 de ani în urma Tradiţia uneltelor mici arctice se răspândeşte în America.
stabilirea paleo-eschimoşilor

2 000 – I 000 de ani în urma Vorbitom limbilor na-dene se răspândesc în vestul Americii de Nord

9 000 de am În urma – prezent

# CAPITOLUL 7

# ÎN CĂUTAREA STRĂMOŞILOR NATIVILOR AMERICANI

## POVEŞTILE DESPRE ORIGINI

Intr-o poveste despre origini a tribului Surui din

Amazonia, zeul Palop l-a creat mai întâi pe fratele său Palop Leregu şi apoi a creat oamenii. Palop a dat triburilor de nativi americani hamacele si

3

ornamentele şi le-a spus să-şi tatueze corpul şi să-şi perforeze buzele, dar nu a dat niciunul dintre aceste lucruri albilor. Palop a creat limbile, câte una pentru fiecare grup, şi a împrăştiat grupurile pe întreg Pământul.[1]

Această poveste a originii a fost culeasă de

un antropolog care a lucrat şi a înţeles cultura Surui şi, ca şi celelalte poveşti despre origini, de pretutindeni, şi aceasta a fost privită de către cercetători ca fiind o ficţiune, interesantă prin ceea ce dezvăluie despre o societate. Dar oamenii de stiintă au si ei povesti despre origini. Ne place să ne gândim că poveştile noastre sunt superioare, deoarece dovezile sunt testate cu metode ştiinţifice. Dar o oarecare smerenie este recomandată. În 2012, am condus un studiu care susţinea că nativii americani din Mezoamerica spre sud – incluzându-i pe surui – au provenit cu toţii din strămoşii unei singure populaţii, una care s-a deplasat la sud de întinderile de gheaţă, cândva, acum 15 000 de ani.[2] Am avut atât de multă încredere în această teorie, care se potrivea cu datele arheologice, încât am folosit termenul de „primii americani” pentru a sublinia că această descendenţă a fost una fondatoare. Trei ani mai târziu, aveam să aflu că am greşit. Suruii şi unii dintre vecinii lor din Amazonia deţin o moştenire genetică provenită de la o populaţie fondatoare diferită

din Americi, ai cărei strămoşi au ajuns la o dată şi pe o cale pe care nu le înţelegem încă.[3]

Dacă există vreun lucru asupra căruia savanţii care studiază istoria oamenilor din Americi sunt de acord, acesta este că durata ocupării de către om a Lumii Noi a fost ca o clipire de ochi comparativ cu durata extraordinar de lungă a ocupării Africii şi Eurasiei. Motivul sosirii târzii în America este determinat de barierele geografice care separă continentul de Eurasia: punţi vaste de pământuri reci, aspre şi neproductive în Siberia, şi oceane la est şi la vest. A durat până la ultima perioadă glaciară ca nord-estul Siberiei să fie vizitat de oameni cu tehnologia şi abilităţile necesare pentru a supravieţui acolo, într-o vreme în care nivelul mării era suficient de scăzut, încât să apară un pod de uscat în regiunea Strâmtorii Bering de astăzi, care le-a permis să traverseze prin Alaska. Odată ajunşi acolo, emigranţii au fost capabili să supravieţuiască, dar tot nu puteau să călătorească spre sud, cel puţin, nu pe uscat,

deoarece erau blocaţi de un zid de gheaţă format prin unirea unor gheţari groşi de un kilometru, care acoperiseră Canada.

Cum au fost populate întâia dată Americile? Până acum două decenii, ipoteza dominantă spunea că porţile Edenului American s-au deschis numai acum aproximativ 13 000 de ani. Dovezile provenite din resturile vegetale şi animale şi datarea cu radiocarbon a trăsăturilor glaciare indică faptul că, la acea vreme, gheţarii se topiseră suficient de mult pentru a lăsa o cale de pătrundere şi trecuse suficient de mult timp pentru ca stâncile goale, nămolul şi scurgerile glaciare să fi făcut loc vegetaţiei.[4] în povestirile ştiinţifice, acest „coridor fără gheaţă" a fost o versiune americană a canalului de uscat pe care l-au folosit israeliţii pentru a traversa Marea Roşie în relatarea biblică a Exodului din Egipt. Migranţii care l-au traversat au apărut în Marile Câmpii ale America de Nord. înaintea lor era o întindere plină de vânat de mari dimensiuni nemaiîntâlnit niciodată de vânătorii umani. în decurs de o mie de ani,

oamenii au ajuns până în Tierra del Fuego, la poalele Americii de Sud, hrănindu-se cu bizonii, mamuţii şi mastodonţii care păşteau pe acele locuri.

Ideea că oamenii au ajuns prima oară într-o Americă goală, venind din Asia – idee care şi astăzi se bucură de un consens uimitor printre oamenii de ştiinţă – provine de la naturalistul iezuit Jose de Acosta, din 1590, care, considerând că este foarte puţin probabil ca oamenii antici să fi putut naviga peste apele marelui ocean, a speculat că Lumea Nouă fusese legată de cea Veche printr-o porţiune arctică, netrasată pe vreo hartă.[5] Această idee a câştigat credit atunci când a fost descoperit podul terestru din zona Strâmtorii Bering, în urma călătoriei în jurul lumii a Căpitanului Cook. Dovada ştiinţifică a existenţei oamenilor în America temperată, la sfârşitul ultimei glaciaţii, a venit în anii 1920 şi 1930, când arheologii care lucrau în siturile din Folsom şi Clovis, din New Mexico, au descoperit artefacte şi unelte de piatră – inclusiv vârfuri de săgeţi, amestecate printre

oasele de mamuţi dispăruţi – care erau dovezi clare ale prezenţei umane. Vârfurile de suliţe de tip Clovis au fost găsite, de atunci încolo, în sute de situri arheologice din Nordul Americii, înfipte uneori în oase de bizoni sau de mamuţi. Aspectul lor asemănător, pe o întindere geografică atât de vastă – contrastând cu variaţia regională a stilurilor de fabricare a instrumentelor de piatră din culturile care au urmat – este de aşteptat dacă răspândirea s-a petrecut rapid (oamenii deplasându-se într-un spaţiu nepopulat). Dovezile disponibile sugerează că această cultură Clovis a apărut în probele arheologice în jurul datei la care,geologic, este atestată deschiderea coridorului fără gheaţă, astfel încât totul părea să se potrivească. Părea natural să ne gândim că oamenii din cultura Clovis erau primii oameni la sud de calotele glaciare şi erau, de asemenea, Strămoşii tuturor nativilor americani de astăzi.

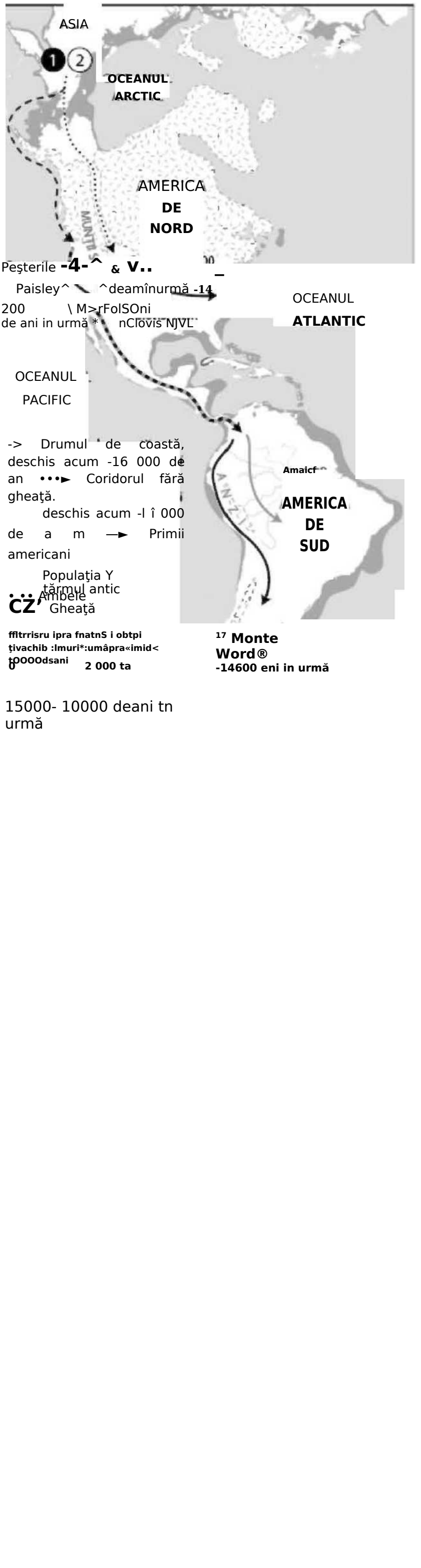



**Figura 19.** *Dovezile genetice ale existenţei a cel puţin patru migraţii preistorice în America.*

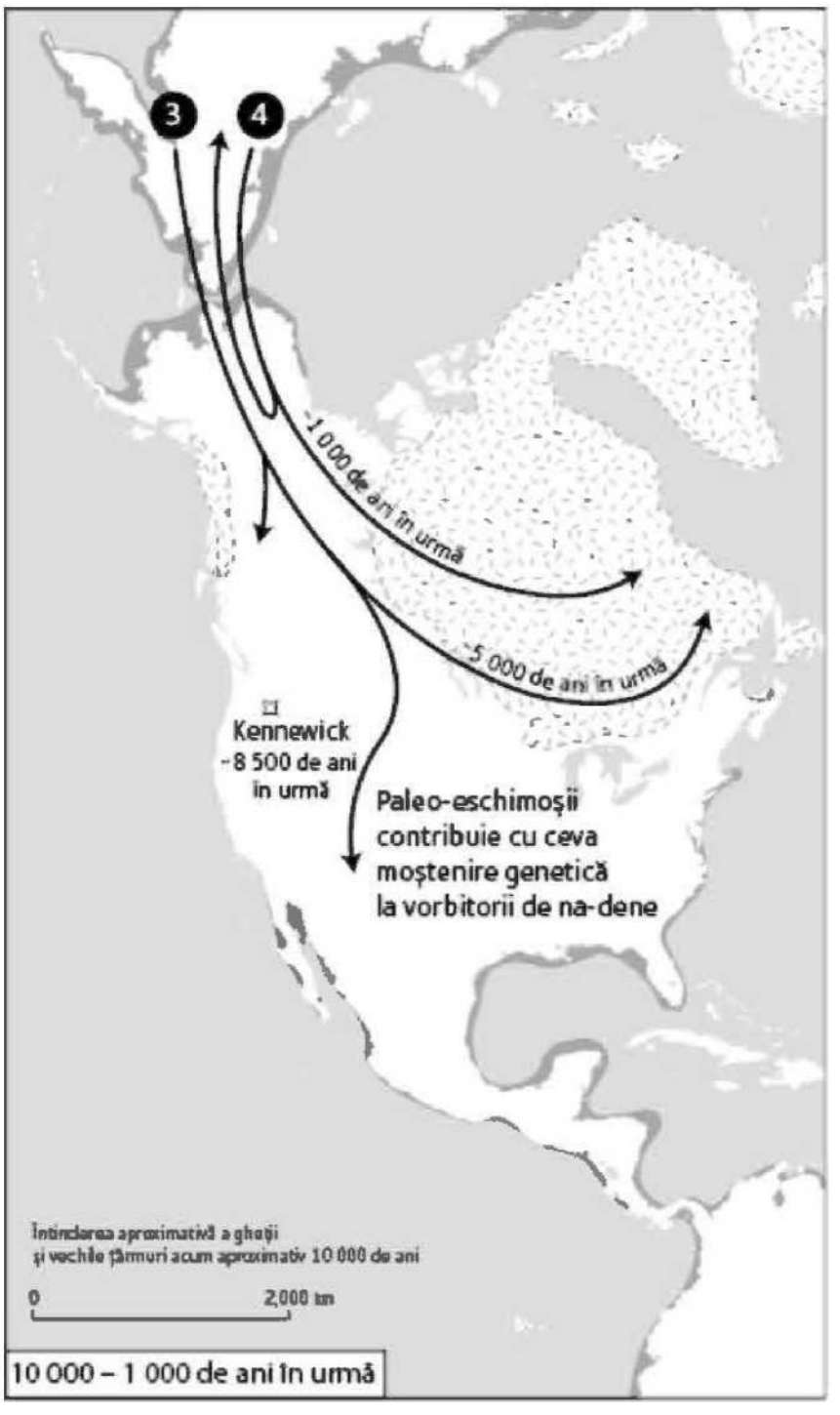
Au existat cel puţin două migraţii care au lăsat moşteniri umane până în America de Sud (stânga) şi cel puţin două al căror impact a fost limitat la nordul Americii de Nord (dreapta).

O Separarea de cei mai apropiaţi eurasiatici ~ 23 000 de ani in urmă

(2) Sursa populaţiei Y *Data intrării necunoscută*

Acest modelul „întâi Clovis”, în care făuritorii culturii Clovis au ieşit din coridorul fără gheaţă şi au populat un continent gol, a devenit modelul standard al preistoriei americane. A încurajat scepticismul în rândul arheologilor în ceea ce priveşte pretenţiile unor situri arheologice pre-Clovis.[6] Faptul i-a influenţat pe lingviştii care pretindeau că găsesc o origine comună pentru un număr mare de limbi diverse ale nativilor americani.[7] Datele ADN-ului mitocondrial, disponibile la acea data, erau, de asemenea, concordante ideii conform căreia majoritatea moştenirii genetice a nativilor americani de astăzi derivă dintr-o radiaţie a unei singure surse, deşi numai cu aceste date nu a fost posibil să se determine dacă radiaţia res-pectivă a apărut

în timpul culturii Clovis sau înainte.[8]




0 Migraţia în afara Asiei formează linia paleo-eschimoşilor, -5 000 ani în urmă

O Un val final din Asia contribuie la apariţia neo-eschimosilor si-i înlocuieşte pe paleo-eschimoşi, -l 000 de ani în urmă

în 1997, o lovitură majoră a fost dată ideii conform căreia grupurile Clovis au fost primii americani. Acel an a marcat publicarea rezultatelor unor săpături de la situl Monte Verde, din Chile, care conţinea oase sparte de mastodonţi, rămăşiţe lemnoase ale unor structuri, noduri de frânghii, vetre străvechi şi unelte din piatră fără asemănări stilistice cu rămăşiţele Clovis din America de Nord.[9] Datările cu radiocarbon ale rămăşiţelor de la Monte Verde indicau faptul că unele artefacte aveau o vechime de aproximativ 14 000 de ani, în mod clar anterioare momentului deschiderii coridorului fără gheaţă, la mii de kilometri spre nord. Un grup de arheologi sceptici, care respinseseră anterior numeroase afirmaţii cu privire la existenţa unor urme pre-Clovis, au vizitat situl în acelaşi an si, cu toate că au sosit acolo îndoindu-se că acel sit ar putea fi atât de vechi, au plecat cu convingerea că este adevărat. Acceptarea de către ei a datelor de la Monte Verde a fost urmată de acceptarea descoperirilor din alte locaţii, care şi ele indicau prezenţa umană pre-Clovis în Americi, înaintea deschiderii coridorului fără gheaţă. Un argument aproape la fel de puternic în favoarea ocupării Americii înainte de apariţia coridorului fără gheaţă a fost adus de descoperirile din peştera Paisley din Oregon, din nord-vestul Statelor Unite, unde au fost descoperite fecale străvechi în straturi de sol nerăscolite, care au fost şi ele datate ca având o vechime de aproximativ 14 000 de ani şi care conservaseră secvenţe de ADN mitocondrial uman.[10]

Cum ar fi putut să ajungă oamenii la sud de

calotele glaciare înaintea deschiderii acelui coridor fără gheaţă? în apogeul epocii de gheaţă, gheţarii ieşeau chiar din mare, creând o barieră de peste o mie de kilometri în lungul ţărmului vestic al Canadei. Dar în anii 1990, geologii şi arheologii, reconstituind momentul în care s-au retras gheţurile, au realizat că existau porţiuni de coastă fără gheţari încă de acum 16 000 de ani. Nu există situri arheologice cunoscute, în lungul coastei, datând din acea perioadă, deoarece nivelul apei a crescut cu mai mult de 100 m, acoperind orice astfel de urme care ar fi existat vreodată de-a lungul ţărmului. Absenţa dovezilor arheologice cu referire la trecerea oamenilor pe acolo, în acea perioadă, nu este deci o dovadă că astfel de treceri nu au existat în trecut. Dacă ipoteza drumului pe coastă este corectă, oamenii ar fi putut să meargă atunci sau mai târziu (dar totuşi în timp util pentru a ajunge la Monte Verde) de-a lungul unor întinderi de coastă fără gheaţă, ocolind eventual sectoarele cu gheaţă cu ajutorul bărcilor sau plutelor, în aşa fel încât să ajungă la sud de gheţari cu mii de ani înaintea deschiderii coridorului.

Studiile asupra ADN-ului ancestral au demonstrat acum cât de greşită este ideea „întâi Clovis” – cum îi lipseşte o întreagă ramură profundă a istoriei populaţiei de nativi americani. în 2014, Eske Willerslev şi colegii săi au publicat datele întregului genom provenit de la resturile unui sugar descoperit în Montana, al cărui context arheologic îl plasează în cultura Clovis si a cărui datare cu radiocarbon este cu puţin mai recentă de acum 13 000 de ani.[11] Analizarea lor a arătat

că acest sugar provenea, în mod categoric, din aceeaşi populaţie ancestrală ca şi mulţi alţi nativi americani, însă datele sale genetice mai arătau şi că, până la momentul naşterii sale, se dezvoltase deja o scindare profundă între populaţiile de nativi americani. Rămăşiţele copilului Clovis se încadrau de o parte a acestei ramificări: partea care a contribuit în cea mai mare măsură la descendenta

populaţiilor de nativi americani din Mezoamerica şi America de Sud de astăzi. Cealaltă parte include

nativii americani care trăiesc astăzi în estul si centrul Canadei. Singurul mod în care se putea produce această separare este dacă ar fi existat o populaţie anterioară populaţiei Clovis, care să fi dat naştere liniilor majore de nativi americani.

## NEÎNCREDEREA ÎN STIINTA VESTICĂ

Studiile asupra ADN-ului ancestral, precum cele realizate pe rămăşiţele sugarului Clovis, au capacitatea de a rezolva controversele legate de istoria populaţiei de nativi americani. Dar astfel de studii au rezonanţe pentru descendenţii de astăzi ai acestor populaţii, care nu sunt în totalitate pozitive. Acest lucru se datorează faptului că, în ultimii 500 de ani, au fost martorii unor situaţii repetate în care oamenii cu o descendenţă europeană i-au exploatat pe indigenii din Americi, folosindu-se de instrumentele stiintei occidentale. Aceste situaţii au sădit

neîncrederea unor grupuri de nativi americani fată de comunitatea ştiinţifică – o neîncredere problematică atunci când este vorba despre efectuarea studiilor genetice.

După sosirea europenilor în Americi, în 1492, populaţiile şi culturile nativilor americani s-au prăbuşit sub presiunea bolilor aduse de europeni, a campaniilor militare şi a unui regim economic şi politic pus pe exploatarea bogăţiilor continentului şi convertirea locuitorilor la creştinism. Istoria este scrisă de învingători şi rescrierea istoriei trecutului de după cucerirea de către europeni a fost, în mod special, făcută de aceşti învingători, în Americi, unde anterior sosirii europenilor nu exista limbă scrisă, cu excepţia Mezo-americii. în Mexic, spaniolii au ars cărţile indigenilor, astfel că cea mai mare parte a scrierilor nativilor americani s-au mistuit literalmente în flăcări. Tradiţiile orale au avut, de asemenea, de suferit. Schimbarea limbii, convertirea religioasă şi discriminările împotriva indigenilor au dus la plasarea culturii nativilor americani pe o poziţie cu un statul inferior culturii europene.

Genomica modernă oferă o metodă neaşteptată de recuperare a trecutului. Afro-americani – o altă populaţie a cărei istorie a fost furată, de vreme ce strămoşii lor descind dintr-o populaţie răpită din Africa si transformată în sclavi – sunt în fruntea încercărilor de a folosi genetica pentru a-şi trasa rădăcinile. Dar dacă nativii americani manifestă deseori un interes deosebit pentru istoria lor genetică, consiliile tribale au fost uneori ostile. 0 îngrijorare comună este aceea

că studiile genetice asupra istoriei nativilor americani sunt doar un alt exemplu al modului în care europenii încearcă să-i „ilumineze". încercările anterioare – precum convertirea la creştinism sau educarea în spiritul culturii occidentale – au dus la disolutia culturii nativilor americani. Există, de asemenea, şi o conştientizare a faptului că anumiţi cercetători i-au studiat pe nativii americani pentru a afla lucruri care- i interesează pe non-nativi, fără să acorde atenţie intereselor nativilor americani.

Una dintre primele reacţii puternice la studierea genetică a nativilor americani a venit de la populaţia Karitiana, din Amazonia. în 1996, medicii au colectat probe de sânge de la populaţia Karitiana, promiţând participanţilor că le vor îmbunătăţi accesul la îngrijire medicală, lucru care nu s-a întâmplat niciodată. Iritaţi de această experienţă, Karitiana au fost cei care au obiectat cel mai tare fată de includerea probele lor într-un studiu internaţional referitor la diversitatea genetică umană – Human Genome Diversity Project – şi au jucat un rol de bază la împiedicarea finanţării întregului proiect. în mod ironic, în studii ulterioare, probele provenite de la Karitiana au fost folosite mai mult decât cele ale oricărei alte populaţii de nativi americani, pentru analizarea modului în care sunt înrudiţi nativii americani cu alte grupuri. Probele ADN de la Karitiana care au fost amplu studiate nu provin din setul controversat din 1996. Ele fac parte dintr-o colecţie obţinută în 1987, când participanţii au fost informaţi despre scopurile acestor studii şi li s-a spus că participarea lor este

voluntară.[12] Cu toate acestea, experienţa exploatării ulterioare a populaţiei Karitiana a umbrit studierea ADN-ului acestei populaţii.

0 altă reacţie puternică la cercetarea genetică pe nativii americani a venit de la Havasupai, care trăiesc în zona canioanelor din sud-vestul Statelor Unite. Probele de sânge de la Havasupai au fost colectate în 1989 de către cercetătorii de la Arizona State University, care încercau să înţeleagă riscul crescut al indivizilor din acest trib de a dezvolta diabetul de tip II. Participanţii şi-au dat consimţământul scris pentru a participa la „un studiu [asupra] cauzelor tulburărilor de comportament/medicale", iar limbajul folosit în formularul de consimţământ le-a oferit cercetătorilor libertatea de a interpreta în sens foarte larg cele cuprinse în textul respectiv. Cercetătorii au împărţit apoi probele cu mulţi alţi cercetători, care le- au folosit pentru a studia subiecte care variază de la schizofrenie la preistoria Havasupailor. Reprezentaţii Havasupai au susţinut că probele lor au fost folosite în scopuri diferite faţă de cele pentru care îşi dăduseră acordul participanţii la studiu – chiar dacă formularea din documente spunea altceva, le fusese limpede, atunci când s-au adunat probele, că acestea urmau să fie folosite pentru un studiu centrat pe diabet. Această dispută a dus la un proces, care s-a soldat cu înapoierea probelor şi obligarea universităţii la plata unei compensaţii în valoare de 700 000 de dolari.[13]

Ostilitatea faţă de studiile genetice a fost chiar înscrisă în legea tribală. în 2002, Navajo – care alături de multe alte triburi de nativi americani sunt, pe baza unui tratat, parţial

independente politic faţă de Statele Unite – a adoptat un Moratoriu privind cercetarea genetică, interzicând participarea indivizilor aparţinând tribului Navajo la studii genetice, indiferent dacă este vorba despre determinarea factorilor de risc de boală sau a istoriei populaţiei. Un rezumat al acestui moratoriu poate fi găsit într-un document emis de Naţiunea Navajo, care prezintă punctele pe care cercetătorii universitari trebuie să le ia în calcul, atunci când i-au în considerare un proiect de cercetare. Documentul spune: „testarea genomului uman este strict interzisă de către trib. Navajo au fost creaţi de Asdzaa Nădleehe *(Changing Woman* sau Femeia în schimbare – n. red.); aşa încât ei ştiu de unde provin”[14].

Am aflat de moratoriul Navajo în 2012, când eram în faza finală de redactare a unei lucrări despre variaţia genetică în rândul diverşilor nativi americani. După ce am primit recenzii favorabile ale manuscrisului nostru, le-am cerut tuturor cercetătorilor care ne-au oferit probe să verifice din nou dacă consimţămintele scrise asociate probelor erau concordante cu studiile referitoare la istoria populaţiei şi să confirme că ei înşişi erau de acord cu includerea probelor lor în studiu. Acest lucru a dus la retragerea a trei populaţii din studiu, inclusiv pe Navajo. Toate cele trei populaţii erau din Statele Unite, fapt care reflectă anxietatea care-i cuprinsese pe cercetătorii geneticieni din Statele Unite cu privire la studierea nativilor americani. La un workshop despre studiile genetice pe nativii americani, la care am participat în 2013, mulţi cercetători din audienţă s-au ridicat

pentru a spune că răspunsurile celor din triburile Karitiana, Havasupai, Navajo şi alţii i-au determinat să fie prea precauţi pentru a mai face orice fel de cercetare pe nativii americani (inclusiv cercetarea bolilor).

Oamenii de stiintă interesaţi în studierea variaţiei genetice la populaţiile de nativi americani sunt frustraţi de această situaţie. Personal, înţeleg ceva din devastarea pe care sosirea europenilor şi a africanilor în Americi a provocat-o nativilor americani, iar efectele acesteia sunt evidente pretutindeni, în datele pe care eu şi colegii mei le-am analizat. Dar nu se cunoaşte nicio situaţie în care cercetarea în domeniul biologiei moleculare, incluzând genetica – un domeniu care a apărut, aproape integral, după sfârşitul celui de-al Doilea Război Mondial – să fi provocat un prejudiciu major vreunui grup persecutat pe plan istoric. Desigur, au existat cazuri bine documentate de folosire a materialului biologic în moduri care nu au fost apreciate de persoanele de la care a fost prelevat, nu numai în cazul nativilor americani. De exemplu celulele tumorale provenite de la cancerul de col uterin al Henriettei Lacks, o afro-americană din Baltimore, au fost distribuite, după decesul acesteia, fără consimţământul ei si fără ca familia ei să ştie acest lucru, către mii de laboratoare din întreaga lume, unde au devenit principala sursă pentru cercetarea cancerului.[15] Dar, în ansamblu, există un motiv pentru care studiile modeme ale variaţiei ADN- ului – nu numai în cazul nativilor americani, dar şi al multor

altor grupuri, incluzându-i pe cei din grupul san din sudul Africii, evreii, populaţia romă din Europa şi grupurile tribale sau castele din sudul Asiei – sunt o forţă a binelui, contribuind la înţelegerea şi la tratamentul bolilor din respectivele populaţii şi la desfiinţarea ideilor fixe despre rase, care au fost folosite pentru a justifica discriminarea. Mă întreb dacă neîncrederea care a apărut în rândul unora dintre nativii americani, nu ar putea să-i afecteze, în fapt, în mod substanţial pe toţi nativii americani. Mă întreb dacă, în calitatea mea de genetician, nu am cumva responsabilitatea de a face mai mult decât să respect dorinţele celor care nu vor să participe la cercetarea genetică, ci ar trebui, în schimb, să aduc un argument respectuos, dar convingător în favoarea valorii unor astfel de cercetări.

Retragerea probelor Navajo din studiul nostru a fost deranjantă, deoarece erau printre cele cu cea mai bună documentare a consimţământului informat. Cercetătorul care ni le dăduse le colectase personal, în 1993, în cadrul „Zilei ADN-ului” pe care a organizat-o la Dine College din teritoriul Navajo, astfel încât nu existase nicio ambiguitate cu privire la transmiterea probelor prin mai mulţi intermediari. în cursul workshopului, el i-a întrebat pe participanţi dacă ar dori să doneze probe pentru scopul explicit de a fi incluse într-un studiu amplu asupra istoriei populaţiilor – în mod special pentru studii „care să demonstreze că toti oamenii din lume sunt strâns înrudiţi între ei şi care să sublinieze unitatea originii oamenilor” –, iar

membrii tribului Navajo, care au dorit să participe, au semnat un formular care preciza participarea lor voluntară. Cu toate acestea, deciziile personale individuale de a participa la studiu au fost anulate, nouă ani mai târziu, de moratoriul consiliului tribal.

Ar fi trebuit oare să respectăm dorinţa studenţilor care au donat probele sau decizia de mai târziu a consiliului tribal? în final, am evitat disputa, supunându-ne cererii cercetătorului, care a fost atât de îngrijorat, încât ne-a cerut să nu includem probele sale în studiu. Nu m-am simţit niciodată împăcat cu această decizie. Am considerat că includerea probelor ar fi respectat dorinţa indivizilor care au ales să-şi doneze ADN-ul pentru studierea istoriei lor. Dar recunosc că diferite culturi au perspective diferite. Există o mişcare în rândul unora dintre eticienii si conducătorii comunităţilor de nativi americani, care susţin că orice cercetare care are drept subiect un trib ar trebui să fie considerată acceptabilă numai după consultarea comunităţii, nu numai prin consimţământul informat individual.[16] în cazul câtorva studii internaţionale asupra variaţiei genetice umane, aceste îngrijorări au determinat cercetătorii să poarte consultaţii în cadrul comunităţilor, pe lângă consimţământul informat individual, înainte de a include probe.[17] Cei foarte puţini cercetători care studiază acum diversitatea genetică a nativilor americani se consultă, aproape toţi, cu autorităţile tribale pentru a obţine feedback cu privire la proiectarea studiului – şi uneori chiar pentru a obţine

consimţământul explicit al comunităţii –, chiar dacă acest lucru nu este obligatoriu din punct de vedere legal.

Este vorba aici despre o problemă generală referitoare la responsabilităţile etice ale cercetării genetice. Când examinez genomul unui individ, aflu lucruri nu numai despre genomul individului, ci şi despre familia şi strămoşii individului respectiv. Aflu lucruri, de asemenea, despre alţi membri ai comunităţii – alti descendent! ai aceloraşi strămoşi.

Care sunt responsabilităţile mele în acest caz? Ce anume datorez, nu numai rudelor apropiate ale familiei individului pe care-l studiez, ci şi membrilor mai îndepărtaţi ai familiei sale, populaţiei sale şi speciei noastre, ca întreg? Poziţia extremă conform căreia fiecare ar trebui să fie consultat ar face progresul ştiinţific în genetica umană (incluzând genetica medicală) aproape imposibil. Nu ar exista suficient de mult timp pentru cercetătorii care lucrează în laboratoare de dimensiuni modeste, aşa cum este al meu, să vorbească cu fiecare grup tribal care ar putea fi interesat de cercetarea în cauză.

Punctul meu de vedere personal este că trebuie, în calitatea noastră de comunitate ştiinţifică, să găsim o cale de mijloc, o abordare care să nu necesite obţinerea permisiunii de la fiecare grup sau trib posibil interesat. Pe de altă parte, date fiind îngrijorările bine fundamentate ale comunităţilor tribale din America de Nord, care au apărut ca urmare a unei istorii de exploatări repetate, noi, oamenii de ştiinţă, ar trebui să aspirăm la realizarea unei misiuni semnificative atunci când studiem istoria

populaţiei nativilor americani, pentru a fi siguri că toate lucrările pe care le redactăm ţin cont şi de perspectiva indigenilor. Detaliile despre cum să realizăm o astfel de consultare trebuie să fie elaborate şi am impresia că nu va exista niciodată o soluţie convenabilă pentru toată lumea. Dar trebuie să încercăm să avansăm dincolo de situaţia în care ne aflăm astăzi, în care multi cercetători au reţineri să desfăşoare vreun studiu referitor la variaţia genetică a nativilor americani, de teama de a nu fi criticaţi si din cauza unui consum extraordinar de

5 1

timp necesar pentru realizarea tuturor consultărilor recomandate de anumiţi reprezentanţi tribali şi oameni de ştiinţă. Această situaţie a provocat suspendarea cercetării variaţiei genetice în rândul nativilor americani – cu mult mai puţine studii care să se desfăşoare în această arie decât si-ar dori toti, cu excepţia oamenilor ostili faţă de cercetarea ştiinţifică.

J J

## CONTROVERSELE LEGATE DE OASE

Studiile despre istoria populaţiilor, întreprinse pe ADN-ul ancestral, nu sunt, în cele mai multe cazuri, la fel de tensionate precum sunt cele pe indivizi care trăiesc astăzi. Totuşi, în anul 1990, Congresul Statelor Unite a aprobat legea privind protecţia şi repatrierea nativilor americani (NAGPRA – Native American Graves Protection and Repatriation), prin care instituţiile care primesc fonduri de la Statele Unite trebuie să contacteze triburile de nativi americani si să se ofere să le înapoieze

artefactele culturale, inclusiv osemintele, care provin de la grupuri cu care nativii americani pot dovedi că au o legătură biologică sau culturală. Asta a însemnat că rămăşiţele nativilor americani sunt returnate triburilor lor, iar oportunitatea de a efectua analize asupra ADN-ului ancestral pe multe dintre probe dispare. NAGPRA a avut cel mai mare impact asupra rămăşiţelor arheologice datând din ultima mie de ani, în cazul cărora se pot susţine cu putere conexiunile culturale cu triburile de nativi americani existente astăzi. Demonstrarea conexiunilor culturale este mai dificilă în cazul resturilor mai vechi, cum ar fi cele ale bărbatului din Kennewick în vârstă de 8 500 de ani, găsit în anul 1996, pe teritoriul Statelor Unite, în statul Washington.

Iniţial, scheletul omului Kennewick fusese prevăzut să fie înapoiat unui număr de cinci triburi de nativi americani care-l pretindeau ca fiind strămoşul lor, dar a fost pus la dispoziţie pentru studii ştiinţifice după ce instanţele au constatat că nu existau dovezi ştiinţifice evidente că ar fi fost un nativ american aflat sub incidenţa regulamentului NAGPRA. Pentru a câştiga cazul, oamenii de ştiinţă care au ripostat la pretenţiile triburilor au subliniat că analizele morfologiei scheletului sugerează că acesta ar fi mai apropiat de malul asiatic al Pacificului şi de populaţiile insulare din Pacific decât de nativii americani de astăzi.[18] Totuşi, în 2015, Eske Willerslev şi colegii săi au extras şi studiat ADN-ul ancestral al omului Kennewick, care a arătat că acele concluzii provenite din studiile morfologice fuseseră

greşite.[19] Omul Kennewick derivă, în fapt, din aceeaşi populaţie ancestrală largă ca şi majoritatea nativilor americani.

ADN-ul ancestral depăşeşte analiza morfologică de fiecare dată când este posibilă compararea acestor două tipuri de date. Motivul este simplu. Studiul morfologic al scheletelor poate analiza numai câteva trăsături care sunt variabile între indivizi, astfel încât permit numai o aproximare incertă la nivel populaţional. Din contră, analizele genetice ale zeci de mii de poziţii independente din ADN permit atribuirea exactă a probei unei populaţii anume. Astfel, caracterizarea descendenţei unei singure probe (precum omul Kennewick), bazată pe un număr mic de trăsături morfologice, nu poate face o diferenţiere convingătoare între nativii americani şi o moştenire genetică din partea cealaltă a Pacificului. Datele genetice o pot face.

în timp ce studiul ADN-ului ancestral a adus dovezi clare în favoarea descendentei nativ-americane a omului Kennewick, nu este limpede dacă acesta are o relaţie deosebit de puternică cu populaţiile de nativi americani din statul Washington, care pretinseseră scheletul. Lucrarea referitoare la genomul omului Kennewick eşantionase ADN provenit de la tribul Colville, unul dintre cele cinci triburi care prelinseseră o legătură de rudenie cu rămăşiţele respective, şi a susţinut că datele obţinute concordă cu o înrudire directă. Totuşi, Colville a fost singurul trib din cele 48 de state continentale ale Statelor Unite care a fost analizat de către cercetători,

iar o privire mai atentă asupra detaliilor acestei lucrări nu oferă probe că omul Kennewick este mai îndeaproape înrudit cu tribul Colville decât este înrudit cu alţi nativi americani mai îndepărtaţi, cum ar fi cei din America de Sud.[20] Nici datele tribului Colville nu sunt puse la dispoziţia comunităţii ştiinţifice pentru analiza independentă – nu au fost oferite grupului meu, la solicitarea noastră, în ciuda faptului că jurnalul în care au fost publicate impune, ca o condiţie a publicării, împărtăşirea datelor.

Interpretarea făcută din dorinţa de a confirma nişte teorii anume nu este specifică pentru cazul omului Kennewick. în 2017, un studiu pe un schelet vechi de aproximativ 10 300 de ani, dezgropat într-o insulă din apropierea coastei canadiene a Pacificului de astăzi, a susţinut dovada unei prezenţe neîntrerupte a unei linii nativ-americane în aceeaşi regiune, de la acea vreme şi până în prezent.[21] Dar o examinare a analizei prezentate în lucrare arăta că acest individ nu era mai îndeaproape înrudit cu indivizii locali decât cu nativii americani din America de Sud.

Acestea sunt numai două exemple despre modul în care literatura ADN-ului ancestral începe să se umple cu afirmaţii nefondate despre legături ancestrale directe între schelete străvechi şi grupuri care trăiesc astăzi, o problemă care nu se limitează doar la Americi. Oamenii de stiintă care lucrează cu

populaţii indigene au tendinţa de a face astfel de afirmaţii, deoarece acestea sunt deseori

bine primite
de grupurile locale şi deschid cale colectării de probe. Procesul ştiinţific normal, în care oamenii de stiintă
semnalează acele afirmaţii care nu sunt susţinute în
mod convingător de date, nu funcţionează nici el aşa cum ar trebui. Există suspiciunea că atunci când membri ai grupurilor sunt implicaţi în mod direct în investigarea ştiinţifică a propriei lor istorii, dorinţa oamenilor ca unele lucruri să fie adevărate modifică adesea prezentarea datelor. Iar oamenii de ştiinţă, care nu sunt implicaţi în respectiva activitate, se tem de consecinţele pe care le-ar suporta dacă ar semnala problemele.

Cazul omului Kennewick a fost litigios şi s-a judecat în instanţă, generând ostilitate între comunitatea academică si triburile de nativi americani. A avut consecinţe pentru cercetătorii interesaţi în istoria populaţiei de nativi americani şi a făcut ca astfel de cercetări să devină cu mult mai dificile. Din experienţa mea în interacţiunea cu arheologii, antropologii şi directorii de muzee care sunt concentraţi pe preistoria nativilor americani, îmi este clar că mulţi dintre ei au un sentiment profund de frustrare atunci când trebuie să returneze colecţii de oase importante din punct de vedere ştiinţific şi pe care doresc să le păstreze în proprietatea muzeelor, recunoscând în acelaşi timp modalităţile dubioase prin care multe dintre aceste colecţii au fost adunate în cursul exproprierii pământurilor nativilor americani.[22] în contrapondere cu asta este

sentimentul de frustrare pe care îl resimt mulţi nativi americani din cauza tulburării liniştii rămăşiţelor strămoşilor lor. Pentru a se strecura printre aceste interese concurente şi lege, multe muzee angajează „funcţionari NAGPRA” al căror rol este acela de a identifica rămăşiţele culturale şi biologice care pot fi asociate cu un anumit trib de nativi americani si de a-i contacta pe reprezentanţii acestor triburi în vederea returnării rămăşiţelor respective. Dar, în timp ce funcţionarii NAGPRA cu care am interacţionat eu sunt dedicaţi respectării literei legii şi fac acest lucru în mod profesionist, au în acelaşi timp grijă să nu depăşească limitele. Se simt incomod atunci când, aşa cum a fost cazul omului Kennewick, rămăşiţele sunt restituite triburilor, fără dovada vreunei conexiuni biologice sau culturale, după cum prevede regulamentul NAGPRA.

Un genetician care deschide noi drumuri în acest domeniu este Eske Willerslev. Nu numai în cazul probei provenite de la omul Kennewick, dar şi în cazul altor rămăşiţe scheletice provenite de la indigeni, de la care a recoltat ADN-ul, Willerslev a câştigat cooperarea comunităţilor indigene într-un mod inovator si strălucit – chiar dacă acest lucru nu-i mulţumeşte pe toţi cei din comunitatea arheologică şi muzeală. El a realizat că pot exista interese comune ale comunităţilor indigene şi ale geneticienilor, deoarece studiile ADN pot susţine pretenţiile triburilor cu privire la respectivele rămăşiţe. Acest lucru s-a întâmplat în cazul secvenţierii genomului extras dintr-o probă de păr, veche de aproximativ 100 de ani, aparţinând unui aborigen australian[23], al scheletului Clovis, vechi de aproximativ 13 000 de ani[24] şi al scheletului Kennewick, în vârstă de

aproximativ 8 500 de ani.[25] în toate aceste trei cazuri, Willerslev a abordat direct triburile, după obţinerea ADN-ului, în loc să le contacteze prin intermediul unui proces instituţional, precum cele stabilite prin NAGPRA.

Deşi multe persoane din comunitatea arheologilor au fost îngrijorate în legătură cu metoda folosită de Willerslev, aceea de a implica triburile, în afara procesului instituţional formal, el a avut succes în mai multe moduri. în Australia, colaborarea sa cu grupurile aborigene, în contextul studiului său asupra probei de păr veche de 100 de ani, a generat bunăvoinţă şi a deschis porţile unui studiu mult mai ambiţios desfăşurat pe populaţiile de aborigeni de astăzi, publicat de el şi de colegii lui în 2016.[26] în mod asemănător, în Statele Unite, colaborarea lui Willerslev cu grupurile indigene, în cazurile Clovis şi Kennewick, a contribuit la câştigarea bunăvoinţei şi a încurajat triburile să susţină analizarea ADN-ului ancestral provenit şi din alte probe.

Un exemplu remarcabil al acestui progres este oferit de rămăşiţele găsite în Spirit Cave, din Utah. în 2000, Biroul de Administrare a Teritoriului al Statelor Unite s-a opus înapoierii acestor rămăşiţe vechi de aproape 11 000 de ani tribului Fallon Paiute-Shoshone care le revendicase. Decizia biroului se baza pe faptul că nu existau dovezi ale legăturilor biologice sau culturale cu acest trib. în octombrie 2015, după publicarea lucrării privind omul Kennewick, lui Willerslev i s-a permis accesul la rămăşiţe

pentru analiza ADN-ului ancestral şi, după aproape un an, a prezentat biroului un raport tehnic care arăta că individul respectiv avea o moştenire care provenea integral din aceeaşi linie străveche ca şi nativii americani de astăzi. Pe baza acestui raport, biroul a decis să înapoieze rămăşiţele tribului respectiv.[27]

Această decizie l-a nedumerit pe funcţionarul NAGPRA cu care am corespondat pe această temă, care remarca faptul că interpretarea a depăşit litera legii NAGPRA, care solicita dovezi ale legăturilor mai apropiate ale rămăşiţelor cu tribul Fallon Paiute- Shoshone decât cu alte triburi, lucru pe care se pare că Willerslev nu îl demonstrase. Dar atunci când am vorbit cu Willerslev despre înapoierea osemintelor tribului respectiv, opinia sa a fost că litera legii NAGPRA nu era atât de importantă şi că standardul comunitar se schimbase, chiar dacă legea nu era adusă la zi. într-un articol din revista ştiinţifică *Nature,* referitor la decizia de înapoiere a rămăşiţelor din Spirit Cave, antropologul Dennis O'Rourke a fost citat ca spunând că acest caz dă un exemplu despre felul în care grupurile de nativi americani pot fi antrenate în folosirea geneticii pentru a determina care rămăşiţe pot fi studiate şi apoi reîngropate. Antropologul Kim TallBear a subliniat modul în care exemplul rămăşiţelor de la Spirit Cave a demonstrat că relaţiile dintre triburi si oamenii de stiintă nu trebuie să fie neapărat antagoniste: „Triburilor nu le place să li se vâre pe gât o viziune ştiinţifică asupra lumii... dar există interes pentru ştiinţă."[28]

înţelegerea de către Willerslev a faptului că datele provenite din studiul ADN-ului ancestral oferă un gen de dovezi care pot fi folosite pentru stabilirea pretenţiilor asupra unor rămăşiţe neafiliate, deţinute în colecţiile din muzee, a oferit o ocazie neaşteptată de depăşire a acestui blocaj datorat puţinelor relaţii existente între savanţi şi comunităţile indigene.

Există, de asemenea, un al doilea mare domeniu în care nu s-a ajuns la o cale de mijloc între nativii americani şi geneticieni – potenţialul de a folosi ADN-ul ancestral pentru a măsura dimensiunea populaţiilor care au existat înainte de 1492, prin analizarea variaţiilor din genomul probelor străvechi. Aceasta este o chestiune esenţială pentru nativii americani, deoarece există dovezi ale unei prăbuşiri de aproape zece ori a dimensiunilor populaţiilor din Americi, după sosirea europenilor şi a valurilor de boli epidemice pe care le-au adus aceştia, ceea ce a condus la destrămarea societăţilor complexe preexistente. Dimensiunile relativ mici ale populaţiilor pe care le-au întâlnit colonişţii europeni, atunci când au ajuns în Americi, au fost folosite pentru a oferi o justificare morală a ocupării pământurilor nativilor americani. Colonişţii europeni aveau un interes în minimizarea dimensiunilor populaţiilor de nativi americani, susţinând că, în Americi, nu exista aproape nicio civilizaţie şi nici populaţii sofisticate, înainte de sosirea europenilor.[29]

Sper că, pe măsură ce consecinţele revoluţiei genomului vor fi înţelese mai bine, indigenii vor realiza din ce în ce mai mult

faptul că ADN-ul poate deveni o unealtă care să-i lege pe nativii americani de astăzi de rădăcinile lor si unii de ceilalţi. Acest lucru nu va rezolva toate îngrijorările pe care le-au formulat eticienii si liderii comunităţilor de nativi î *
americani, dar poate servi la reducerea antagonismului şi la promovarea unei mai profunde înţelegeri şi chiar a unei colaborări, în viitor.

## DOVEZILE GENETICE ALE PRIMILOR AMERICANI

Primul studiu la scară genomică al istoriei populaţiei de nativi americani a apărut în 2012, când laboratorul meu a publicat date referitoare la 52 de populaţii diferite. O limitare majoră a studiului a fost aceea că nu aveam de loc probe din cele 48 de state continentale ale Statelor Unite, din cauza anxietăţilor legate de cercetarea genetică pe nativii americani. Cu toate acestea, studiul a eşantionat diversitatea nativilor americani, în mare parte din restul emisferei, şi a oferit noi informaţii despre trecut.[30]

Cei mai multi indivizi studiati aveau mici fracţiuni

din ge-nom provenite de la strămoşii europeni sau africani, din ultimii 500 de ani, reflectând frământările care au avut loc după sosirea colonişţilor europeni. Am desfăşurat multe analize pe indivizii fără nicio urmă de astfel de amestecuri, dar în cazul unor populaţii, în mod special provenite din Canada, toţi indivizii pe care i-am analizat aveau măcar o mică proporţie de moştenire non-nativ-

americană. Deoarece am dorit să includem aceste populaţii, am folosit o tehnică ce ne-a permis să identificăm acele secţiuni din genomul probelor care erau de origine europeană sau africană. Am făcut acest lucru căutând segmente lungi de genom în care indivizii prezentau variaţii genetice cu o frecvenţă mare la africani şi la europeni, dar cu o frecvenţă redusă la nativii americani. Mascând aceste secvenţe din genom am reuşit să îndepărtăm istoria ultimilor 500 de ani de amestec, pentru a înţelege ceva despre modul în care arăta structura relaţiilor dintre populaţiile de nativi americani înainte de contactul cu europenii.

Am comparat toate perechile posibile de populaţii de nativi americani, folosind testul celor patru populaţii. Am folosit acest test pentru a evalua dacă populaţiile eurasiatice – de exemplu, populaţia chinezească han – aveau mai multe mutaţii genetice comune cu o populaţie de nativi americani sau cu alta, testând toate perechile posibile. Pentru 47 din cele 52 de populaţii nu am putut detecta diferenţe în privinţa înrudirii lor cu asiaticii. Acest lucru ne-a sugerat că vasta majoritate a nativilor americani de astăzi, incluzându-i pe toţi cei din Mexic, ca şi pe cei din estul Canadei, descinde dintr-o singură linie comună. (Celelalte cinci populaţii rămase, toate provenind de pe coasta arctică sau de pe cea nord- vest pacifică din Alaska şi Canada, prezentau, de asemenea, dovezi ale moştenirii provenite din diferite descendenţe). Astfel, diferenţele fizice extraordinare dintre grupurile de nativi americani de astăzi sunt datorate evoluţiei de

după separarea dintr-o populaţie ancestrală comună, nu imigraţiei din diferite zone ale Eurasiei. Am denumit această populaţie ancestrală comună „primii americani”.

Am construit ipoteza că linia „primilor americani” pe care am caracterizat-o îi reprezenta pe urmaşii primilor oameni care s-au răspândit la sud de calotele glaciare, fie pe calea unui coridor fără gheaţă, fie de-a lungul coastei. Studiile genomice de până acum nu au fost capabile să determine cât de mic a fost acest grup sau câte generaţii au tot călătorit. Dar orice s-a întâmplat, susţineam că aceasta a fost o populaţie pionier, de dimensiuni reduse, care s-a deplasat într-o zonă nepopulată, răspândindu-se dramatic în toate direcţiile.

Datele genetice susţin această ipoteză în aspectele sale cele mai importante. Aplicând de nenumărate ori testul celor patru populaţii, a devenit limpede pentru noi că majoritatea nativilor americani din populaţiile din nordul Americii de Nord până în sudul Americii de Sud pot fi descrişi, în mare, ca fiind ramuri ale unui singur arbore, prezentând un contrast puternic cu tiparele relaţiilor dintre populaţiile Eurasiei. Cele mai multe populaţii s-au ramificat curat din trunchiul central, cu puţine amestecuri ulterioare. Ramificaţiile s-au petrecut, de regulă, dinspre nord spre sud, în concordanţă cu ideea că, pe măsură ce populaţiile au călătorit spre sud, grupurile s-au desprins şi s-au stabilit într-un loc, rămânând în aproximativ aceleaşi locuri de atunci încolo. Cea mai şocantă excepţie de la acest tipar a fost cazul sugarului de acum aproximativ 13

000 de ani, asociat culturii Clovis, care a fost găsit în Montana, foarte aproape de graniţa actuală cu Canada. Sugarul Clovis provine dintr-o linie genetică diferită de cea a locuitorilor de astăzi ai Canadei învecinate, reflectând mişcări majore ale populaţiei care trebuie să se fi petrecut mai târziu.

în unele locuri din Americi, ADN-ul ancestral confirmă teoria că populaţiile au rămas în aceeaşi regiune timp de mii de ani. După analizele pe care le- am realizat, noi şi Lars Fehren-Schmitz, pe peruvieni datând de acum aproximativ 9 000 de ani, a existat o continuitate solidă a populaţiilor de nativi americani în această regiune. Toate genomurile ancestrale, din Peru, pe care le-am studiat, sunt mai strâns înrudite între ele şi cu nativii americani din Peru, care vorbesc quechua şi aymara, decât cu oricare alte populaţii sud-americane actuale. Avem date asemănătoare despre indivizii nativi americani din sudul Argentinei, datând de acum aproximativ 8 000 de ani, şi indivizii nativi americani din sudul Braziliei, datând de acum aproximativ 10 000 de ani. Acelaşi lucru se aplică şi nativilor americani din insulele din apropierea Columbiei Britanice, care par să fi fost parte a unei populaţii continue, timp de aproximativ 6 000 de ani, chiar dacă, continuitatea locală nu merge înapoi, în mod clar, mai mult de 10 000 de ani.[31] Cu toţii sunt mai aproape înrudiţi cu nativii americani care trăiesc astăzi în aceeaşi regiune decât cu nativii americani din zone mai îndepărtate.

## REABILITAREA GENOMICĂ A LUI JOSEPH

GREENBERG

Descoperirea genetică a răspândirii primilor americani a contribuit, de asemenea, la rezolvarea unei controverse lingvistice. Extraordinara diversitate a limbilor nativilor americani a fost remarcată încă din secolul al XVII-lea, unii misionari europeni atribuind această diversitate eforturilor diavolului de a rezista la convertirea populaţiilor native, făcând ca limba pe care misionarii trebuiau să o înveţe, pentru a-şi atrage adepţi dintr-o populaţie, să nu mai fie de niciun ajutor în cazul unei alte populaţii. Lingvişti pot fi împărţiţi în „splitters” (separatori) care pun accent pe diferenţele dintre limbi şi „lumpers” (agregatori) care pun accent pe rădăcinile lor comune. Unul dintre separatorii extremi a fost Lyle Campbell, care a divizat cele aproximativ o mie de limbi ale nativilor americani în aproape 200 de familii (grupuri de limbi înrudite), localizându-le uneori în anumite văi ale unor râuri.[32] Unul dintre grupatorii extremi a fost Joseph Greenberg, care susţinea că poate grupa toate limbile nativilor americani în numai trei familii, ale căror legături profunde le poate trasa. El susţinea că aceste trei familii reflectau trei mari valuri de migraţie din Asia.

Campbell şi Greenberg au avut ciocniri faimoase cu privire la interpretarea relaţiilor dintre limbile nativilor americani, Campbell considerând clasificarea tripartită a lui Greenberg atât de inacceptabilă, încât, în 1986, a scris că aceasta „ar trebui să fie desfiinţată”[33]. în realitate, două dintre familiile de limbi sunt indiscutabile: limbile

eschimo- aleute vorbite de mulţi indigeni din Siberia, Alaska, nordul Canadei si Groenlanda si limbile na-dene

vorbite de un subset de triburi nativ-americane care trăiesc pe coasta Pacificului din nordul Americii de Nord, în interiorul Canadei de Nord şi în partea sud- vestică a Statelor Unite.

Dar cea de-a treia familie a lui Greenberg, „amerindiana”, despre care acesta a susţinut că include aproximativ 90% dintre limbile nativilor americani, este cea pe care atât de mulţi lingvişti au găsit-o criticabilă. Metoda pe care a folosit-o Greenberg pentru a propune familia amerindiană a fost aceea de a studia câteva sute de cuvinte în diferitele limbi ale nativilor americani si de a le cataloga în funcţie de gradul de înrudire. Găsind rate înalte de asemănare, el a susţinut că acest lucru reprezintă o dovadă a originii lor comune. După cum privea Greenberg lucrurile, proto-amerindiana fusese vorbită de primii americani de la sud de calotele de gheaţă. Deoarece a găsit că fiecare limbă, care nu aparţinea familiilor limbilor na-dene sau eschimo- aleute din Americi, putea fi clasificată drept amerindiană, a concluzionat că informaţiile lingvistice susţineau o teorie a trei mari valuri de dispersie a nativilor americani din Asia. Dacă ar fi existat şi un al patrulea val, acesta ar fi lăsat un alt set diferit de limbi.

Critica la adresa ideilor lui Greenberg a fost distrugătoare. Criticii susţineau că lista de cuvinte era prea scurtă pentru a stabili asemănări. Aceştia mai atacau, de asemenea,

ideea că aceste cuvinte ar fi provenit cu adevărat dintr-un trunchi comun. Se consideră că identificarea cuvintelor împărtăşite devine dificilă atunci când ne îndepărtăm în timp mai mult de câteva mii de ani, deoarece limbile se schimbă atât de rapid, dar Greenberg susţinea că poate să detecteze legături în cazul unor intervale de timp de două ori mai mari.

Greenberg a avut totuşi dreptate într-o anumită privinţă. Categoria sa de limbi amerindiene corespunde aproape exact categoriei primilor americani, descoperită prin analiza genetică. Grupările de populaţii pe care le-a prezis a fi cel mai îndeaproape înrudite, bazându-se pe limbile vorbite, au fost verificate prin tiparele genetice ale populaţiilor pentru care sunt disponibile date. Iar diversificarea de astăzi a limbilor nativilor americani reflectă şi ea o poveste în care majoritatea populaţiilor descind dintr-o singură răspândire migratorie. Oricine priveşte harta lingvistică a Americilor poate vedea că aspectul ei este calitativ diferit fată de cel din Eurasia si Africa, cu zeci de familii lingvistice restrânse la teritorii mici, comparativ cu vastele întinderi din Eurasia şi Africa, locuite de oameni care vorbesc limbi strâns înrudite din familiile de limbi indo-europene, austroneziene, sino-tibetane şi bantu, fiecare dintre ele reflectând o istorie a migraţiei de masă şi a înlocuirii populaţiilor. Expansiunea primilor americani pare să fi fost atât de rapidă, încât limbile de pe continent sunt înrudite printr-o structură în formă de greblă cu mulţi dinţi care se extind în paralel,

dintr-o rădăcină comună, care are o vârstă apropiată de momentul aşezărilor timpurii din Americi.[34] Astfel, atât datele genetice, cât şi cele lingvistice susţin un scenariu în care multe dintre populaţiile de nativi americani de astăzi sunt descendenţii direcţi ai populaţiilor care, în mod plauzibil, au trăit în aceleaşi regiuni la scurtă vreme după prima populare a continentului. Acest lucru sugerează că, după dispersarea iniţială, înlocuirea populaţiei a fost un fenomen mai puţin frecvent în Americi decât a fost în Africa si Eurasia.

în timp ce datele genetice au oferit o largă confirmare a imaginii de ansamblu propuse de Greenberg, acesta a omis un lucru important. Deşi vorbitorii de eschimo-aleută si de na-dene sunt diferenţiabili genetic de ceilalţi nativi americani, deoarece poartă moşteniri genetice provenite din valuri distincte de migraţie din Asia, ambii au mari cantităţi de moştenire genetică provenită de la primii americani: în jur de 60%, în cazul vorbitorilor de eschimo-aleută pe care i-am studiat, şi în jur de 90%, în cazul unora dintre vorbitorii de na-dene.[35] Aşadar, în timp ce cele trei grupuri lingvistice prezise de Greenberg se corelează bine cu trei populaţii străvechi, primii americani au avut o contribuţie demografică dominantă la genomul tuturor indigenilor de astăzi din Americi.

## POPULAŢIA Y

Următoarea carte servită din pachetul

genetic a fost o surpriză totală – cel puţin pentru noi, geneticienii.

Unii specialişti în antropologia fizică, studiind formele scheletelor umane, au susţinut ani de zile că există unele schelete americane, datând de acum peste 10 000 de ani, care nu seamănă cu ceea ce neam aştepta de la strămoşii nativilor americani de astăzi. Cea mai reprezentativă este Luzia, un schelet vechi de aproximativ 11 500 de ani ale cărui rămăşiţe au fost găsite în Lapa Vermelha, Brazilia, în 1975. Mulţi antropologi au considerat că forma feţei sale este mai asemănătoare cu cea a populaţiilor indigene din Australia si Noua Guinee decât cu cea a populaţiilor străvechi sau moderne din estul Asiei sau cu nativii americani. Această enigmă a dus la speculaţia că Luzia ar fi provenit dintr-un grup care ia precedat pe nativii americani. Antropologul Walter Neves a identificat zeci de schelete de mezoamericani şi sud-americani care prezentau o morfologie pe care o numeşte „paleo-americană”. Proba numărul unu, din punctul lui Neves de vedere, este compusă dintr-un set de 55 de cranii datând de acum 10 000 de ani sau mai mult, găsite într-o groapă de gunoi preistorică din Lagoa Santa, Brazilia.[36]

Aceste afirmaţii sunt controversate. Trăsăturile [3] morfologice variază în funcţie de dietă şi de mediul, iar după sosirea oamenilor în Americi, selecţia naturală, precum şi schimbările aleatorii care se acumulează în populaţii, în timp, au contribuit probabil la modificările morfologice. Experienţa omului Kennewick, al

cărui schelet avea afinităţi morfologice cu cele ale populaţiilor de pe coasta Pacificului, dar care, din punct de vedere genetic, provenea pe deplin din aceeaşi populaţie ancestrală ca şi ceilalţi nativi americani, serveşte drept semnal de atenţionare – o lecţie despre pericolul de a interpreta morfologia ca o dovadă puternică a relaţiilor populaţionale.[37] Mulţi au criticat ideile lui Neves sugerând că analizele sale erau defectuoase din punct de vedere statistic, în sensul că el alesese siturile pe care să le includă în analiză, pentru a-şi consolida ideea paleo-americană şi eliminase, în mod deliberat, pe cele care nu se potriveau, o abordare nepotrivită pentru o cercetare riguroasă.

Cu toate acestea, Pontus Skoglund a decis să studieze mai îndeaproape datele genetice ale nativilor americani, uitându-se după alte urme de moştenire genetică în afara celor provenite de la primii americani. El a mers pe următoarea logică: dacă existau populaţii străvechi pe continent, care să fi fost înlocuite de primii americani, acestea trebuie să se fi amestecat cu strămoşii populaţiilor de astăzi, lăsând ceva urme statistice în genomul oamenilor din prezent.

Skoglund a folosit testul celor patru populaţii pentru a compara toate perechile posibile de populaţii din Americi, care fuseseră considerate, iniţial, a poseda o moştenire genetică provenită în totalitate de la primii americani, cu toate perechile posibile de populaţii din afara Americilor, între care a fost inclus ADN provenit de la populaţiile indigeni din Australasia (incluzând

insularii din Andaman, Noua Guinee şi Australia) şi alte populaţii considerate, ipotetic, de către unii antropologi, că ar putea fi înrudite cu paleo-americanii. El a descoperit două populaţii de nativi americani, ambele localizate în regiunea braziliană a Amazonului, care sunt mai strâns înrudite cu austral-asiaticii decât cu alte populaţii ale lumii. După ce s-a alăturat laboratorului meu, în calitate de cercetător postdoctoral, Skoglund a descoperit semnale mai slabe, dar totuşi reale, probabil, de afinitate genetică cu austral-asiaticii şi la alte populaţii de nativi americani din jurul bazinului Amazonului. El a estimat că proporţia de moştenire ancestrală la aceste populaţii era mică – de l-6% –, restul potrivindu-se moştenirii genetice provenite de la primii americani.[38]

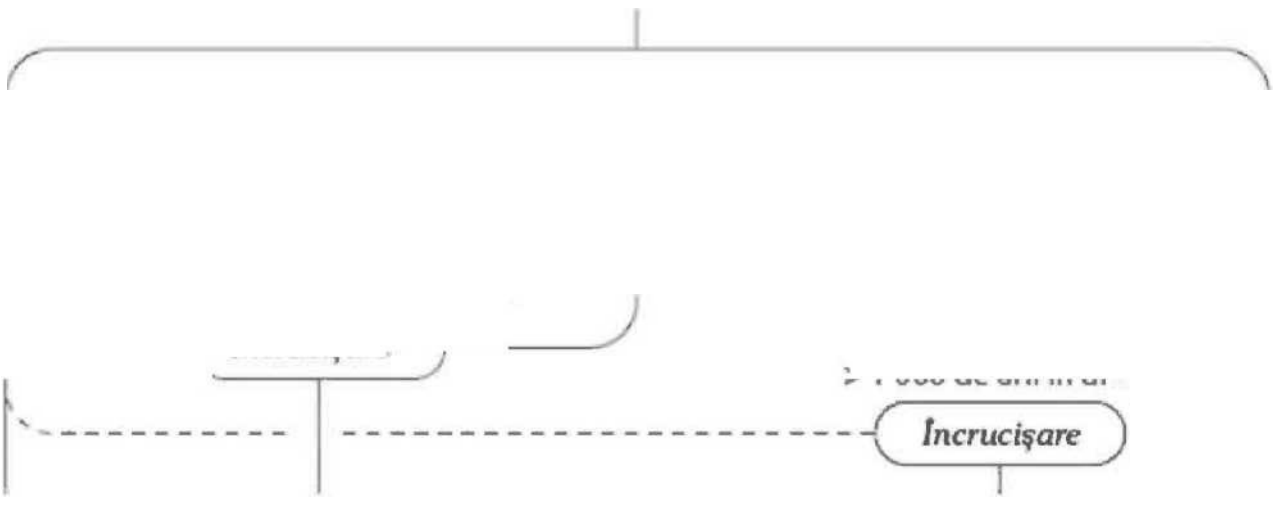
Eu şi Skoglund am fost sceptici, iniţial, în legătură cu aceste descoperiri, dar dovezile statistice au continuat să devină şi mai puternice. Am văzut aceleaşi tipare în multiple seturi de date, colectate independent. De asemenea, am demonstrat faptul că aceste tipare nu puteau să apară ca rezultat al migraţiilor recente ale populaţiilor asiatice – în timp ce amazonienii aveau cea mai puternică afinitate cu indigenii din Australia, Noua Guinee şi insulele Andaman (comparativ cu est-asiaticii luaţi ca etalon), nu erau deosebit de apropiaţi de niciunul dintre aceştia. Ipoteza migraţiei polinezienilor din Pacific în Americi a fost, de asemenea, contrazisă de datele genetice. Cu toate că o asemenea migraţie ar fi putut să aibă loc în ultimele două mii de ani, deoarece polinezienii deţineau abilitatea de a traversa

oceanele, nu s-au găsit niciun fel de afinităţi genetice cu aceştia. Datele păreau a fi, cu adevărat, o dovadă a migraţiei în Americi a unei populaţii ancestrale mai îndeaproape înrudită cu australienii, papuaşii din Noua Guinee si andamanezii decât cu siberienii de

*

astăzi. Am tras concluzia că am găsit dovada unei populaţii „fantomă”: o populaţie care nu mai există astăzi în formă neamestecată. Am numit această populaţie „populaţia Y” după cuvântul *ypykuera,* care înseamnă „strămoş” în tupi, familie de limbi utilizată de populaţiile care deţin proporţia cea mai mare din această moştenire genetică.

Toate grupurile de nativi americani de astăzi descind,




într-o mare proporţie, din primii americani.

Non-africanii

>5 000 de ani În

**Paleo-eschimoşi**

5 000 – 1 000 de ani în urmâ

> 1 000 de ani în

Primi america

Vorbitor de na-

Vorbitor de eschimo-aleută

Siberie nord-

**Figura 20.** *Acest arbore simplificat se referă la cele trei grupări de populaţii de nativi americani propuse de Joseph Greenberg, pe baza datelor lingvistice. Grupările corespund celor trei intrări distincte în Americi, dar Greenberg nu ştia nimic despre existenţa unei proporţii mari de moştenire genetică de la primii americani în toate aceste grupuri: aproape 90% pentru vorbitorii de na-dene şi aproximativ 60% pentru vorbitorii de eschimo-aleută.*

Populaţia vorbitoare de tupi, la care am găsit cea mai mare moştenire genetică provenită de la populaţia Y, este populaţia surui, autorii mitului originii cu care începe acest capitol. în prezent, numără aproximativ 1 400 de persoane care trăiesc în statul brazilian Rondânia.[39] Ei au fost relativ izolaţi, stabilind relaţii formale cu guvernul Braziliei numai începând din anii 1960, când constructorii de drumuri au pătruns în teritoriul lor. De atunci, suruii şi-au apărat

teritoriul împotriva despăduririlor au preluat plantaţiile de cafea şi au raportat tăietorii de lemne şi minerii ilegali. Suruii au căutat să fie reprezen-taţi de grupurile care luptă pentru drepturile indigenilor în Statele Unite şi au pretins credite de carbon pentru gazele de seră pe care le-au contracarat prin protejarea pădurii tropicale.

Alt grup aparţinând familiei lingvistice tupi la care am găsit moştenire genetică provenită de la populaţia Y este tribul Kantiana. Despre el s-a discutat la începutul capitolului, fiind unul dintre primele triburi de nativi americani, care au protestat activ împotriva cercetărilor genetice – în cazul lor, deoarece probele le-au fost recoltate, în 1996, cu promisiunea de a li se îmbunătăţi accesul la îngrijirea medicală, lucru care nu a fost realizat niciodată. Karitiana cuprinde în jur de 300 de persoane şi provine tot din regiunea Rondânia. Probele pe care le-am analizat noi nu faceau parte din setul recoltat în 1996, ci dintr-un set din 1987, pentru care, se pare, că au fost respectate procedurile de consimţire informată, în concordantă cu standardele etice ale vremii. Sper că indivizii din tribul Karitiana, care vor da peste datele noastre, vor saluta aceste observaţii legate de originea lor ancestrală distinctă, ca fiind o descoperire pozitivă, care subliniază avantajele care pot decurge din implicarea în studii ştiinţifice.[40]

O conexiune profundă între Amazonia şi Australasia

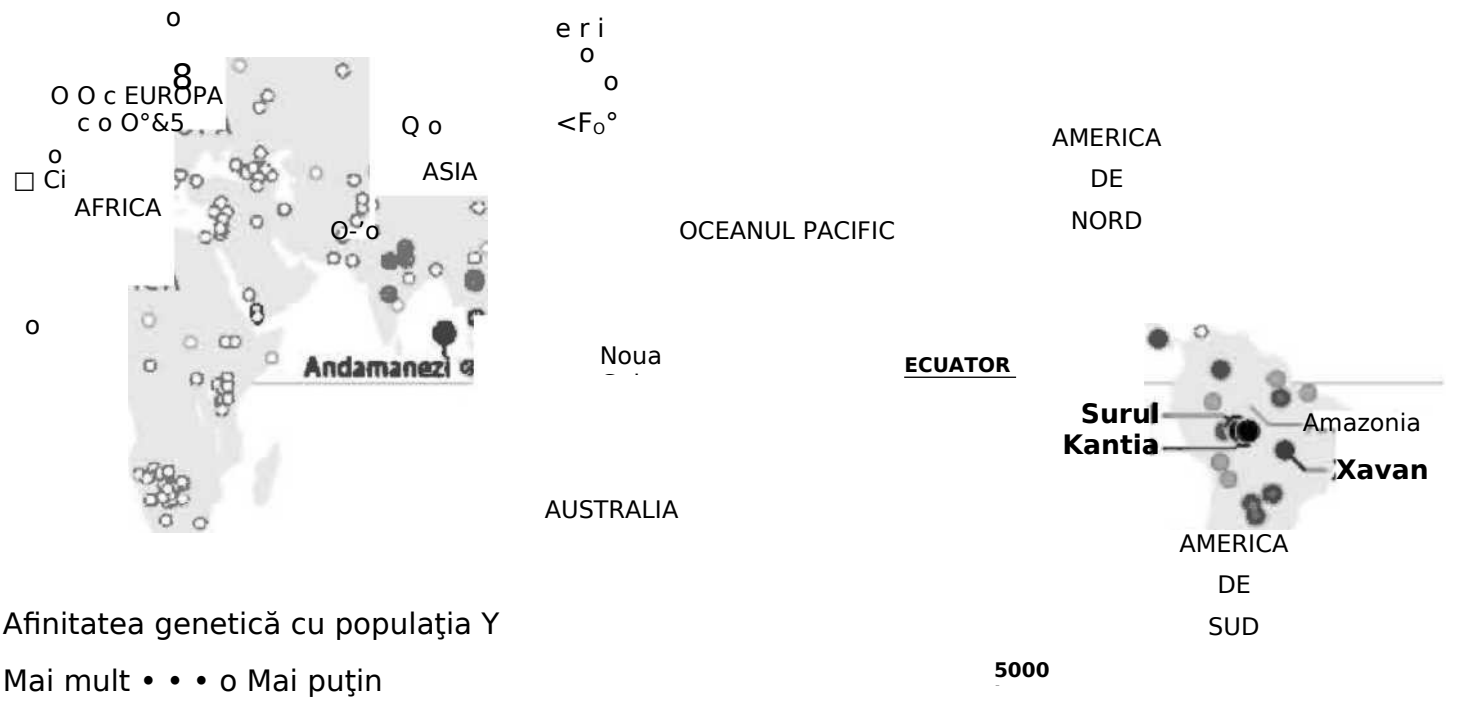



**Figura** *21. În ciuda distanţelor geografice extraordinare, populaţiile din Amazon împărtăşesc o moştenire genetică comună cu australienii, papuaşii din Noua Guinee şi andamanezii, în mai mare măsură decât cu alţi eurasiatici. Acest lucru poate indica o mişcare timpurie, în Americi, a unor oameni dintr-o populaţie-sursă, care nu mai este reprezentată substanţial în*

*nord-estul Asiei.*

A treia populaţie la care am găsit o moştenire genetică substanţială provenită de la populaţia Y este tribul Xavante, care vorbeşte o limbă din grupul ge, diferită de grupul de limbi tupi vorbite de surui şi Karitiana. Ei numără aproximativ 18 000 de indivizi şi sunt localizaţi în statul Mato Grosso, situat pe platoul brazilian. Au fost relocaţi forţat, teritoriul lor suferă astăzi din cauza degradării mediului, iar modul lor de viată este ameninţat de dezvoltarea economică a zonei.[41]

La populaţiile din Mezoamerica sau din America de Sud, la vest de Anzi, am găsit puţine urme sau chiar absenţa vreunei

moşteniri genetice provenite de la populaţia Y. De asemenea, nu am detectat urme genetice provenite de la populaţia Y în genomul vechi de aproximativ 13 000 de ani al sugarului din cultura Clovis din nordul Statelor Unite, sau în genomul vorbitorilor de algonquin de astăzi, din Canada. Distribuţia geografică a populaţiei Y este în mare măsură limitată la Amazonia, fapt care oferă o dovadă în plus în favoarea unei origini străvechi. Faptul că descendenţii populaţiei Y sunt restrânşi pe un teritoriu dificil, îndepărtat de legătura Bering cu Asia, este, probabil, ceea ce era de aşteptat din partea unei populaţii pioniere originare, care a fost cândva mai

larg răspândită, dar care a fost mai târziu marginalizată prin expansiunea altor grupuri. Acest tipar oglindeşte distribuţia altor familii de limbi – de exemplu, tuu, kx'a şi khoe-kwadi, limbi vorbite de triburile Khoe şi San din sudul Africii –, unde insule ocupate de vorbitori ai acestor limbi, situate pe un teren accidentat, sunt înconjurate de mări de oameni care vorbesc alte limbi.

Faptul că cea mai puternică dovadă statistică a acestei linii străvechi am detectat-o în Brazilia, locul de baştină al „Luziei" şi al scheletelor din Lagoa Santa, este remarcabil, dar nu dovedeşte că această linie străveche pe care am descoperit-o coincide cu

morfologia „paleo-americană” ipotetică a lui Neves şi a altora. Neves a susţinut că a depistat morfologia paleo-americană nu numai la brazilienii ancestrali, dar şi la mexicanii ancestrali şi relativ recenţi; cu toate acestea, nu am găsit până acum niciun indiciu în acest sens la mexicani. în plus, grupul lui Eske Willerslev a obţinut ADN de la două grupuri de nativi americani, care ar fi avut morfologia scheletică tipică paleo-americanilor, conform aprecierii lui Neves: Pericues în peninsula Baja California, din nord-vestul Mexicului, şi Fuegans, din extremitatea sudică a Americii de Sud. Niciunul dintre aceste grupuri nu descinde

din populaţiei Y.[42]

Şi atunci, ce anume indică tiparul genetic? Ştim deja, din date arheologice, că oamenii au ajuns probabil în sudul calotelor glaciare înaintea deschiderii coridorului fără gheaţă, lăsând rămăşiţe în situri precum peşterile Monte Verde şi Paisley. Dar marea explozie populaţională, marcată de populaţia Clovis, a avut loc doar atunci când s-a deschis acest coridor. Datele genetice ar putea să furnizeze dovezi ale existenţei unei populări timpurii a Americilor prin cel puţin două grupuri foarte diferite, care au venit dinspre Asia, probabil pe două căi şi la două momente diferite. Dacă populaţia Y s-a răspândit prin zone din sudul

Americii înaintea primilor americani, atunci pare verosimil ca după această populare iniţială, primii americani să fi avansat în aproape toate teritoriile pe care oamenii populaţiei Y le vizitaseră deja, înlocuindu-i total sau doar parţial, aşa cum s-a întâmplat în Amazonia. Este posibil ca linia de populaţie Y să fi supravieţuit mai bine în Amazonia decât în alte regiuni, din cauza relativei impenetrabilităţii a regiunii amazoniene. Este posibil ca acest lucru să fi încetinit destul de mult deplasarea primilor americani în această zonă, fapt care a permis oamenilor care trăiau acolo mai degrabă să se amestece cu noii emigranţi decât să fie înlocuiţi de aceştia.[1]

Moştenirea genetică austral-asiatică la suruii de astăzi atinge un procentaj mic – aproximativ asemănător cu moştenirea Neanderthalienilor în genomul tuturor non-africanilor dar nu ar fi înţelept să neglijăm importanţa ei. Şi asta deoarece impactul populaţiei Y asupra amazonienilor ar putea să fie cu mult mai mare de 2%. Strămoşii populaţiei Y au avut de traversat spaţii enorme prin Siberia şi nordul Americii de Nord, unde trăiau, de asemenea, şi strămoşii primilor americani. Este probabil ca populaţia Y să se fi amestecat deja, în proporţii mari, cu strămoşii primilor americani atunci când au început să se răspândească în America de

Sud. Dacă lucrurile au stat aşa, atunci moştenirea genetică derivată dintr-o linie înrudită cu asiaticii din sud este doar un soi de „substanţă de contrast” pentru descendenţa populaţiei Y – asemenea metalelor grele injectate în venele pacienţilor, pentru evidenţierea traseelor vaselor de sânge, în cursul unei tomografii computerizate. Estimarea noastră cu privire la prezenţa unei moşteniri genetice de aproximativ 2% populaţie Y la surui se bazează pe presupunerea că populaţia Y a traversat întreg nord-estul Asiei şi America, fără să se fi amestecat cu alţi oameni pe care i-a întâlnit. Dacă acceptăm ideea, probabilă,

că ar fi existat, pe drum, amestecuri ale populaţiei Y cu populaţiile înrudite cu primii americani, atunci proporţia de populaţie Y la surui ar putea fi şi de până la 85% şi tot ar produce dovezile statistice observate ale înrudirii cu austral-asiaticii. Dacă proporţia reală este chiar şi numai o fracţiune din cea prognozată, atunci istoria răspândirii într-un teritoriu virgin a primilor americani este foarte înşelătoare. în schimb, trebuie să ne gândim în termenii răspândirii unei populaţii fondatoare, înalt substructurată, a Americilor. Istoria şi datarea sosirii populaţiei Y în Americi va putea fi rezolvată numai atunci când se va putea obţine ADN străvechi din

schelete cu moştenire provenită de la populaţia Y.

## DUPĂ PRIMII AMERICANI

Marea speranţă, legată de datele genetice, constă nu numai în ceea ce ne pot spune acestea despre cele mai vechi origini ale nativilor americani, dar şi în ceea ce pot releva datele genetice cu privire la timpurile mai recente şi despre cum au ajuns populaţiile să fie în felul în care sunt astăzi.

Un prim exemplu îl constituie perspectiva asupra originii vorbitorilor de limbi na-dene, care au trăit dea lungul coastei Pacificului din

America de Nord, în părţile nordice ale Canadei, coborând în sud până în Arizona, Statele Unite. Covârşitorul consens între lingvişti este acela că aceste limbi provin dintr-o limbă ancestrală, veche de doar câteva mii de ani şi că răspândirea lor în aceste spaţii largi din nord- vestul Americii trebuie să fi fost datorată, cel puţin în parte, migraţiilor. într-o analiză uimitoare din 2008, lingvistul american Edward Vajda a documentat o conexiune mai profundă între limbile na-dene şi o familie de limbi din Siberia centrală, numită yeniseiană, vorbită cândva de numeroase populaţii, deşi astăzi numai limba ket din familia yeniseiană mai

este utilizată în mod curent.[43] Aceste rezultate sugerează că, în ciuda distanţei enorme, o migraţie relativ recentă din Asia a dat naştere vorbitorilor de na-dene din Americi.

Ce informaţii noi poate să adauge genetica? în studiul nostru din 2012 am găsit că populaţia Chipewyan, vorbitoare de limbă na-dene, poartă un tip de moştenire genetică ce nu este împărtăşit cu mulţi alţi nativi americani, reprezentând o dovadă în favoarea teoriei existenţei unei migraţii mai târzii din Asia.[44] Am estimat că această moştenire genetică constituie numai aproximativ 10%

din bagajul genetic al populaţiei Chipewyan, dar această constatare a fost şocantă, chiar şi aşa. Ne întrebam dacă am putea folosi acest filon distinct de zestre genetică al populaţiei Chipewyan ca o substanţă de marcaj pentru dovedirea unei legături ancestrale dintre vorbitorii de na-dene, cum sunt cei din populaţia Chipewyan, şi indivizii din vechile culturi arheologice care pot fi studiate cu ajutorul ADN-ului ancestral.

în anul 2010, Eske Willerslev şi colegii lui au publicat date la nivel de genom dintr-o şuviţă de păr, veche de 4 000 de ani, prelevată de la un individ îngheţat din cultura Saqqaq, prima cultură umană din

Groenlanda.[45] Analiza datelor a arătat că acest om aparţinea unei populaţii care prezenta un amestec genetic distinct atât faţă de primii americani din sud, cât şi faţă de populaţia eschimo-aleută care i-a urmat în Arctica. Grupul lui Willerslev şi-a extins afirmaţiile în 2014, când a raportat date de la alţi câţiva „paleo-eschimoşi”, aşa cum sunt numiţi de către antropologi oamenii care au precedat populaţia eschimo-aleută.[46] Toţi aceşti indivizi erau în mare înrudiţi, iar autorii susţineau că ar fi reprezentat o migraţie distinctă din Asia, diferită de toate migraţiile anterioare şi ulterioare. Ei au susţinut că paleo- eschimoşii au dispărut, în

mare parte, fără să lase urmaşi, după sosirea vorbitorilor de eschimo-aleută, acum aproximativ 1 500 de ani.

în studiul nostru din 2012, am testat ideea conform căreia paleo-eschimoşii reprezentaţi de individul Saqqaq descindeau dintr-o migraţie aparte în Americi. Spre surprinderea noastră, nu am găsit dovezi statistice în favoarea unei migraţii distincte, în schimb, testele noastre au fost concordante cu posibilitatea ca Saqqaq să-şi tragă moştenirea genetică din aceeaşi sursă care a contribuit şi la apariţia populaţiei Chipewyan, vorbitoare de na- dene, dar în proporţii diferite. Deoarece cunoaştem, din datele genetice, că

numai aproximativ 10% din moştenirea genetică a multor vorbitori de na-dene de astăzi provine din această migraţie târzie din Asia, este uşor de înţeles din ce cauză analiza de grup folosită de Willerslev a omis conexiunea cu vorbitorii de na-dene. Am propus ipoteza că Na-Dene şi Saqqaq ar putea să-şi datoreze, parte a moştenirii lor genetice, aceleiaşi migraţii vechi din Asia în Americi.

în 2017, Pavel Flegontov, Stephan Schiffels şi cu mine am confirmat faptul că linia paleo-eschimosă nu a dispărut, ci trăieşte în populaţiile Na-Dene.[47] Examinând mutaţiile rare care reflectă împărtăşiri genetice

recente între diverse populaţii de nativi americani şi siberieni, am găsit dovezi în favoarea existentei unor strămoşi comuni recenti ai
individului Saqqaq şi ai indivizilor Na-Dene din prezent. în realitate, ipoteza că liniile paleo- eschimose au dispărut după sosirea vorbitorilor de eschimo-aleută este şi mai profund greşită decât am sugerat în lucrarea mea din 2012.[48] Modul de a privi corect originea acestor vorbitori de eschimo-aleută de astăzi este considerarea unui amestec de linii înrudite cu paleo-eschimoşii şi cu primii americani. Cu alte cuvinte, departe de a se fi stins, populaţia care îi includea pe paleo-

eschimoşi trăieşte sub forma unui amestec, nu numai la vorbitorii de na-dene, ci şi la cei de eschimo-aleutâ.

Lucrarea noastră din 2017 a relevat, de asemenea, o cale complet nouă şi unificatoare de a privi originea profundă a populaţiilor din Americi. în această nouă viziune, au existat numai două linii ancestrale care au contribuit la originea tuturor nativilor americani, separat de cea a populaţiei Y: primii americani şi populaţia care a adus noile mici unelte din piatră şi primul echipament de arcaşi în Americi, acum aproximativ 5 000 de ani şi care a fondat populaţia paleo-eschimosă.[49] Am putut demonstra acest lucru

deoarece, matematic, am putut potrivi un model cu datele în care toţi nativii americani, cu excepţia amazonienilor, cu moştenirea lor provenită de la populaţia Y, pot fi descrişi drept un amestec a două populaţii ancestrale înrudite în moduri diferite cu asiaticii. Amestecuri ale acestor două populaţii ancestrale au produs trei populaţii sursă care au migrat din Asia în Americi şi care sunt asociate cu limbile eschimo-aleută, na-dene şi toate celelalte limbi.

0 a doua revelaţie genetică despre istoria populaţiei de nativi americani este cea mai evidentă la Chukchi, o populaţie din nord-vestul îndepărtat al Siberiei, care vorbeşte o

limbă neînrudită cu niciuna dintre cele care se vorbesc în Americi. Analizele mele au arătat că Chukchi deţin aproximativ 40% din zestrea genetică a primilor americani, datorită unei mişcării inverse, din America spre Asia.[50] Pentru cei care sunt neîncrezători în ideea că descendentii primilor americani ar fi putut să se răspândească în afara Americii şi apoi să aibă un impact demografic substanţial asupra Asiei – cei care obişnuiesc să creadă că drumul migrator între Asia şi America este ca o stradă cu un singur sens – poate fi tentant să afirmăm că afinitatea genetică a populaţiei Chukchi cu nativii americani reflectă pur şi simplu faptul că sunt

cei mai apropiaţi veri ai primilor americani în Asia. Această prejudecată în gândire m-a afectat şi pe mine, mai bine de un an, când încercam să dau un sens datelor pe care le aveam referitor la diverşi nativi americani. Dar datele genetice clarifică faptul că afinitatea este datorată migraţiei înapoi în Asia, deoarece Chukchi sunt mai strâns înrudiţi cu unele populaţii din trecutul primilor americani decât cu altele, o descoperire care poate fi explicată numai dacă o sub-linie genetică, apărută la multă vreme după diversificarea iniţială a liniilor primilor americani din America de Nord, a migrat înapoi în Asia. Explicaţia pentru

această observaţie este aceea că vorbitorii de eschimo-aleută care s-au stabilit în America de Nord s-au amestecat intens cu nativii americani locali (care au contribuit la aproape jumătate din zestrea lor genetică), iar apoi au plecat înapoi în Siberia, unde şi-au continuat modul de viaţă prosper din zona Arctică, contribuind nu numai la genomul Chukchi, dar şi la cel al vorbitorilor locali de eschimo-aleută. Identificarea unui reflux al descendenţilor primilor americani în Asia – genul de descoperire pe care este greu să o demonstrezi arheologic – este tipul de surpriză pe care numai genetica o poate oferi.

Un al treilea exemplu a ceea ce poate oferi

genetica este istoria sosirii agriculturii în sud-vestul Statelor Unite, pornind din nordul Mexicului. Astăzi aceste regiuni sunt unite de o familie larg răspândită de limbi numite uto-aztecane, pe care lingvişti au considerat-o, în mod tradiţional, că s-ar fi răspândit de la nord la sud, bazându-se pe faptul că cele mai multe limbi din această familie si unele dintre

[3]

numele de plante comune acestor limbi sunt tipice pentru extremitatea nordică a distribuţiei de astăzi a limbilor uto-aztecane. Totuşi, alţii au susţinut că aceste limbi au radiat spre nord, pornind din Mexic şi urmând răspândirea culturii porumbului. S-a sugerat, cu cea mai mare convingere de către arheologul Peter Bellwood, că limbile şi

popoarele au tendinţa de a se deplasa împreună cu răspândirea agriculturii.[51] Studiul ADN-ului ancestral al populaţiilor care au trăit înainte şi după apariţia culturii de porumb în regiune, alături de comparaţiile cu locuitorii de astăzi, poate atesta această teorie, cel puţin în parte. începem să găsim unele indicii în ADN-ul ancestral. Studiile efectuate asupra porumbului străvechi au arătat că această cultură a pătruns pentru prima oară în sud-vestul Statelor Unite pe o rută montană (în interiorul ţării, peste dealuri), cu mai mult de 4 000 de ani în urmă, iar apoi a fost înlocuită de specii de porumb cu origine în zona de coastă joasă, acum aproximativ 2 000 de ani.[52] Acesta este un exemplu remarcabil al modului în care şi plantele au, la rândul lor, istorii ale migraţiei

şi ale unor amestecuri repetate, cu toate că, în cazul unor culturi domesticite, migrarea şi amestecul sunt mai dramatice, deoarece oamenii au supus aceste culturi selecţiei artificiale. Este doar o chestiune de timp până când vom fi capabili să testăm ideea conform căreia populaţiile noi s-au deplasat odată cu plantele nou cultivate.

Ideală, desigur, este efectuarea unor astfel de studii într-un mod mai sistematic. Studiile genetice moderne şi ADN-ul ancestral ne permit să descoperim cum sunt conectate între ele culturile nativilor americani prin legături de migraţie şi care este corespondenţa dintre răspândirea limbilor şi tehnologiilor şi mişcările populaţiilor

străvechi. Multe dintre aceste istorii s-au pierdut din cauza exploatării de către europeni, care au decimat populaţiile de nativi americani şi cultura lor. Genetica oferă ocazia de a redescoperi aceste istorii pierdute şi are potenţialul de a promova nu numai înţelegerea, ci şi vindecarea.

# Asia de Est şi Pacificul

~ I 700 000 de ani in urma
Data minimă a primilor oameni in estul Asiei

700 000 – 50 000 de ani în urma
.Hobiţir dăinuie

2 000 OOO de ani în

1000 000

PERIOADA DE

-24000 de ani in urma
Băiatul Mal ta din Siberia un nord-eurasiatic străvechi

-800 de ani in urmă
Expansiunea austroneziană atinge punctul maxim

49 000 – 44 000 de ani În urma Denisovanii si strămoşii australienilor şi ai papuaşilor se încrucişează

-40 000 de ani În urmă
ADN-ul ancestral al individului Tianyuan de lângă Beijing are descendenţa comună cu est-asiaticii din

4 000 – 3 000 de ani În urmă
Expansiunea austroneziană dm Taiwan răspândeşte oamenii către sud-vestul insulelor pentru pnma

40 000

20 000

Prezen

-5 000 de ani in urmă
Agricultura se răspândeşte în China.

—17 000 de ani în urma
Dovezi arheologice certe ale prezenţei oamenilor moderni in

-9 000 de ani În urma
Agricultura începe în văile fluviului Yangtze si Fluviului Galben din China

# CAPITOLUL 8

# ORIGINEA GENOMICĂ A EST-ASIATICILOR

## EŞECUL RUTEI SUDICE

Estul Asiei – vasta regiune care cuprinde China,

Japonia şi sud-estul Asiei – este unul dintre cele mai largi teatre ale evoluţiei umane. Adăposteşte mai mult de o treime din întreaga populaţie a lumii şi o fracţiune asemănătoare din diversitatea sa lingvistică. Olăritul a fost prima oară inventat aici, cu cel puţin 19 000 de ani în urmă.[1] A reprezentat punctul de plecare către popularea Americilor, acum mai bine de 15 000 de ani. Asia de Est a cunoscut o inventare independentă şi timpurie a agriculturii, acum

aproximativ 9 000 de ani.

Asia de Est a fost căminul familiei umane timp de cel puţin 1 700 000 de ani, vârsta celui mai vechi schelet cunoscut de *Homo erectus,* găsit în China.[2] Cele mai timpurii resturi umane descoperite în Indonezia sunt la fel de vechi.[3] Oamenii arhaici – a căror formă scheletică nu este aceeaşi cu a oamenilor ale căror trăsături anatomice moderne încep să apară în rămăşiţele fosile din Africa datând de acum

J J aproximativ 300 000 de ani[4] – au trăit în Asia de Est, în mod continuu, începând din acele vremuri. Datele genetice arată, de exemplu, că denisovanii s-au amestecat cu strămoşii australienilor şi papuaşilor de astăzi acum aproximativ 50 000 de ani. Iar dovezile arheologice şi scheletele arată că „hobiţii" înalţi de aproximativ un metru au continuat să existe cam până pe la aceeaşi dată, în insula indoneziană Flores.[5]

A existat o dezbatere intensă cu privire la măsura în care oamenii arhaici din Asia de Est au contribuit la zestrea genetică a oamenilor care trăiesc astăzi. Geneticienii

chinezi şi occidentali sunt aproape cu totii de acord că oamenii de astăzi din afara Africii descind dintr-o răspândire, produsă acum aproximativ 50 000 de ani, care a dislocat în mare parte grupurile umane stabilite anterior.[6] Unii antropologi şi arheologi chinezi, pe de altă parte, au adus dovezi cu privire la asemănări ale caracteristicilor scheletice si ale stilurilor de confecţionare a uneltelor la oamenii care au trăit în Asia de Est, înainte şi după acest moment, ridicându-se întrebarea dacă a existat vreun oarecare grad de continuitate.[7] La momentul apariţiei acestei cărţi, cunoştinţele despre istoria populaţiei din Asia de Est sunt relativ limitate, comparativ cu cele legate de Eurasia de Vest, deoarece mai puţin de 5% dintre studiile pe ADN-ul ancestral se referă la Asia de Est. Diferenţa reflectă faptul că tehnologia ADN-ului ancestral a fost inventată în Europa şi că le este aproape imposibil cercetătorilor să exporte probe din China şi Japonia din cauza restricţiilor guvernamentale sau a preferinţei ca studiile să fie conduse de oameni de stiintă locali. Acest lucru a

însemnat că aceste regiuni geografice au ratat primii ani ai revoluţiei ADN-ului ancestral.

în Vest, marele scenariu este că, acum aproximativ 50 000 de ani, oamenii au început să confecţioneze unelte sofisticate, cuprinse în categoria Paleoliticului Superior, caracterizate prin lame înguste de piatră cioplite printr-o tehnică nouă, din nuclee pregătite în prealabil. Orientul Apropiat este locul în care s-au
găsit cele mai timpurii unelte ale Paleoliticului Superior, iar această tehnologie s-a răspândit rapid în Europa şi în nordul Eurasiei. Având în vedere cât de mult succes au avut oamenii care deţineau tehnologia Paleoliticului Superior, ar fi normal să ne aşteptăm ca această cunoaştere să se fi răspândit şi în Asia de Est. Dar acest lucru nu s-a întâmplat.

Modelul arheologic din est nu este concordant cu cel din vest. Există, într-adevăr, dovezi arheologice în legătură cu mari schimbări comportamentale asociate cu sosirea oamenilor moderni acum aproximativ

40 000 de ani şi pe o întindere vastă de pământ din China şi estul Indiei, incluzând folosirea de unelte sofisticate din os, mărgele din cochilii sau din dinţi perforaţi, folosite pentru decorarea corpului, precum şi cea mai timpurie artă rupestră cunoscută până acum.[8] în Australia, dovezile arheologice ale unor locuri de popas umane indică faptul că oamenii moderni au ajuns acolo, în mod cert, cu cel puţin 47 000 de ani în urmă[9], adică aproximativ la aceeaşi dată cu cele mai timpurii urme de oameni moderni din Europa.[10] Este deci absolut clar că oamenii moderni au ajuns în Asia şi în Australia cam în aceeaşi perioadă în care au ajuns şi în Europa. Dar, în mod ciudat, primii oameni moderni din centrul şi estul Asiei, ca şi cei din Australia, nu au folosit tehnologia Paleoliticului Superior în confecţionarea de unelte. în schimb, au folosit alte tehnologii, dintre care unele erau mai asemănătore cu cele folosite de oamenii moderni din Africa, cu 10 000 de ani mai înainte.[11]

Stimulaţi de aceste observaţii, arheologii Marta Mirazon Lahr şi Robert Foley au

susţinut că primii oameni din Australia ar putea să provină dintr-o migraţie a oamenilor moderni, afară din Africa şi din Orientul Apropiat, anterioară dezvoltării tehnologiei Paleoliticului Superior în vest. Conform acestei ipoteze a „rutei sudice”, emigranţii au părăsit Africa cu mai mult de 50 000 de ani în urmă si au umblat de-a lungul coastei Oceanului Indian, lăsând urmaşii de astăzi în rândul indigenilor din Australia, Noua Guinee, Filipine, Malaezia şi insulele Andaman.[12] Antropologul Katerina Harvati şi colegii săi au descoperit, de asemenea, asemănări la nivel scheletal între aborigenii australieni şi africani, fapt care, susţin ei, reprezintă dovezi în favoarea acestui model.[13]

Ipoteza „rutei sudice” era cu mult mai mult decât o afirmaţie că ar fi existat oameni moderni plecaţi din Africa, cu mult timp înainte de acum 50 000 de ani – lucru pe care acum toti oamenii de stiintă seriosi îl acceptă.[14] Dovezi ale existenţei oamenilor moderni în afara Africii, cu mult înainte de acum 50 000 de ani, includ scheletele moderne din punct de vedere morfologic din

Skhul şi Qafzeh, din Israelul de astăzi, care datează de acum 130 000 – 100 000 de ani.[15] Uneltele de piatră găsite în situl arheologic de la Jebel Faya şi datând de acum aproximativ 130 000 de ani sunt asemănătoare cu cele găsite în nord-estul Africii şi au cam aceeaşi vârstă, fapt care sugerează că oamenii moderni traversaseră de timpuriu Marea Roşie, înspre Arabia.[16] Există, de asemenea, dovezi genetice preliminare ale unui impact timpuriu al oamenilor moderni ieşiţi din Africa asupra genomurilor Neanderthaliene, care deţin aproximativ 2% ADN care ar putea proveni din încrucişarea acestora cu o linie de oameni moderni, care s-a separat acum vreo 200 000 de ani de liniile umane de astăzi, aşa cum ar fi de aşteptat dacă o populaţie de oameni moderni, înrudită posibil cu Skhul şi Qafzeh, s-ar fi încrucişat cu strămoşii Neanderthalieni.[17] Cu toate că mulţi geneticieni, printre care mă număr şi eu, sunt încă indecişi dacă această descoperire a unei încrucişări timpurii între oamenii moderni si Neanderthalieni este convingătoare, elementul esenţial este că, acum, aproape toţi

oamenii de ştiinţă sunt de acord că au existat, cu adevărat, răspândiri ale oamenilor moderni în Asia, care au precedat cu mult dispersia acceptată de acum 50 000 de ani şi care au contribuit într-un mod hotărâtor la apariţia tuturor oamenilor moderni non-africani de astăzi. Problema nerezolvată, în legătură cu ipoteza rutei sudice, nu este dacă o asemenea răspândire a avut loc, ci dacă ea a avut vreun impact pe termen lung asupra oamenilor care trăiesc astăzi.

în 2011, Eske Willerslev a condus un studiu care părea să demonstreze că această expansiune timpurie a avut cu adevărat un impact.[18] El şi colegii săi au aplicat testul celor patru populaţii, arătând că europenii împărtăşesc mai multe mutaţii cu est- asiaticii decât cu aborigenii australieni, aşa cum ar fi fost de aşteptat dintr-o contribuţie a rutei sudice la moştenirea genetică a australienilor. Aplicând modelul migraţiei prin ruta sudică la datele genomice, ei au estimat că aborigenii australieni sunt descendenţii unei populaţii de oameni moderni care s-a separat de europenii de astăzi, într-o perioadă de două ori mai

veche decât aceea în care strămoşii celor din Orientul Apropiat s-au separat de europeni (75 000 – 62 000 de ani în urmă, comparativ cu 38 000 – 25 000 de ani).

Exista totuşi o problemă deoarece analiza nu a ţinut cont de cele 3 – 6% moştenire genetică pe care australienii o au de la denisovanii arhaici.[19] Din cauză că denisovanii erau atât de divergenţi faţă de oamenii moderni, încrucişarea dintre ei ar fi putut face ca europenii să aibă mai multe mutaţii în comun cu chinezii decât cu aborigenii australieni. într- adevăr, acest fapt explica observaţiile lor. Laboratorul meu a arătat că, după luarea în considerare şi a amestecului cu denisovanii, europenii nu împărtăşesc mai multe mutaţii cu chinezii decât cu australienii, aşadar chinezii şi australienii îşi trag aproape întreaga lor zestre genetică dintr-o populaţie omogenă, ai cărei strămoşi s-au separat devreme de strămoşii europenilor.[20] Acest fapt a relevat că, în istoria non-africanilor, o serie de separări majore ale populaţiei au apărut într-un

interval de timp excepţional de mic – începând cu separarea liniilor care conduc la vest-eurasiatici si est-eurasiatici si terminând cu separarea strămoşilor aborigenilor australieni de strămoşii multora dintre est- eurasiaticii de pe continent. Aceste se-parări de populaţii au apărut, toate, după momentul încrucişării Neanderthalienilor cu strămoşii non-africanilor, acum 54 000 – 49 000 de ani, şi înainte de data la care denisovanii si strămoşii australienilor s-au amestecat, moment estimat genetic a fi cu aproape 12% mai recent decât încrucişarea dintre Neanderthalieni şi oamenii moderni, adică acum 49 000 – 44 000 de ani.[21]

Succesiunea rapidă a separării liniilor genetice, în intervalul de timp relativ scurt dintre încrucişarea oamenilor moderni cu Neanderthalienii si denisovanii, sugerează că, în interiorul Eurasiei, oamenii moderni s-au deplasat în medii noi, în care tehnologia sau stilul lor de viaţă le-a permis să se răspândească,

înlocuind grupurile care trăiau acolo înainte. Răspândirea a fost atât de rapidă, încât este greu să ne imaginăm că oamenii arhaici, care trăiseră în acele locuri timp de aproape 2 000 000 de ani şi despre care cunoaştem, bazându-ne pe dovezile încrucişărilor cu denisovanii, că se aflau tot acolo atunci când s-au răspândit oamenii moderni, ar fi opus prea mare rezistenţă. Chiar dacă oamenii moderni timpurii s-au răspândit în Estul Asiei pe ruta sudică, este probabil că şi ei au fost înlocuiţi de valurile ulterioare de emigranţi umani şi probabil că nu au contribuit decât cu un mic procent la moştenirea genetică a oamenilor de astăzi.[22] în Asia de Est şi în Eurasia de Vest, răspândirea oamenilor moderni afară din Africa şi Orientul Apropiat a avut un efect asemănător cu cel al ştergerii unei table, făcând loc noilor oameni. Vechile populaţii ale Eurasiei au sucombat şi în locul lor au venit grupuri noi, care au ocupat rapid peisajul. Nu există, în genomul est-asiaticilor de astăzi, dovezi genetice ale existenţei

vreunei moşteniri substanţiale provenite de la aceste populaţii mai timpurii.[23] Aşadar, dacă toţi urmaşii oamenilor moderni din Asia de Est si din Australia de astăzi provin din acelaşi grup care a contribuit şi la ADN-ul vest-asiaticilor, cum se explică faptul că asiaticii de sud-est şi australienii nu deţineau tehnologia Paleoliticului Superior, care este atât de strâns legată de răspândirea populaţiilor de oameni moderni în Orientul Apropiat şi Europa?

Primele unelte de piatră de tipul unor lame lungi, caracteristice tehnologiei Paleoliticului Superior, găsite de arheologi, datează de acum 50 000 – 46 000 de ani.[24] Dar din punct de vedere genetic, separarea descendenţelor care conduc la apariţia vest- eurasiaticilor şi est-asiaticilor este posibil să se fi petrecut cu mult mai înainte, aşa după cum am spus, şi s-a petrecut, aproape sigur, la câteva mii de ani după încru-cişarea oamenilor moderni cu Neanderthalienii, de acum 54 000 – 49 000 de ani. Deci este posibil ca principala separare a strămoşilor vest-eurasiaticilor de cei ai est-

asiaticilor să se fi produs înainte de dezvoltarea tehnologiei Paleoliticului Superior, iar distribuţia geografică a acestei tehnologii să reflecte doar răspândirea populaţiei care a inventat-o.

Există o dovadă care coroborează teoria conform căreia tehnologia Paleoliticului Superior s-a dezvoltat după separarea principalelor descendenţe care au condus la apariţia vest-eurasiaticilor şi est-asiaticilor. Strămosii nord-eurasiatici, cunoscuţi prin rămăşiţele mai vechi de 24 000 de ani ale băiatului Mal'ta din estul Siberiei[25], sunt pe linia care conduce la apariţia vest-eurasiaticilor, lucru care i-a nedumerit întotdeauna pe geneticieni, deoarece strămosii nord- eurasiatici au fost localizaţi, geografic, mai aproape de Asia de Est. Dar lucrurile sunt logice ţinând cont de distribuţia geografică a uneltelor de piatră caracteristice Paleoliticului Superior, care sunt asociate nu numai cu vest-eurasiaticii, ci şi cu nord-eurasiaticii si nord-est-asiaticii. Atât distribuţia tehnologiei uneltelor de piatră, cât şi distribuţia moştenirilor genetice corespund

aşteptărilor, dacă tehnologia bine dezvoltată a Paleoliticului Superior a pătruns într-o populaţie care trăia înainte de separarea descendenţelor care au condus la apariţia străvechilor nord-eurasiatici şi vest-eurasiatici, dar după separarea descendenţei care conduce la apariţia est-asiaticilor.

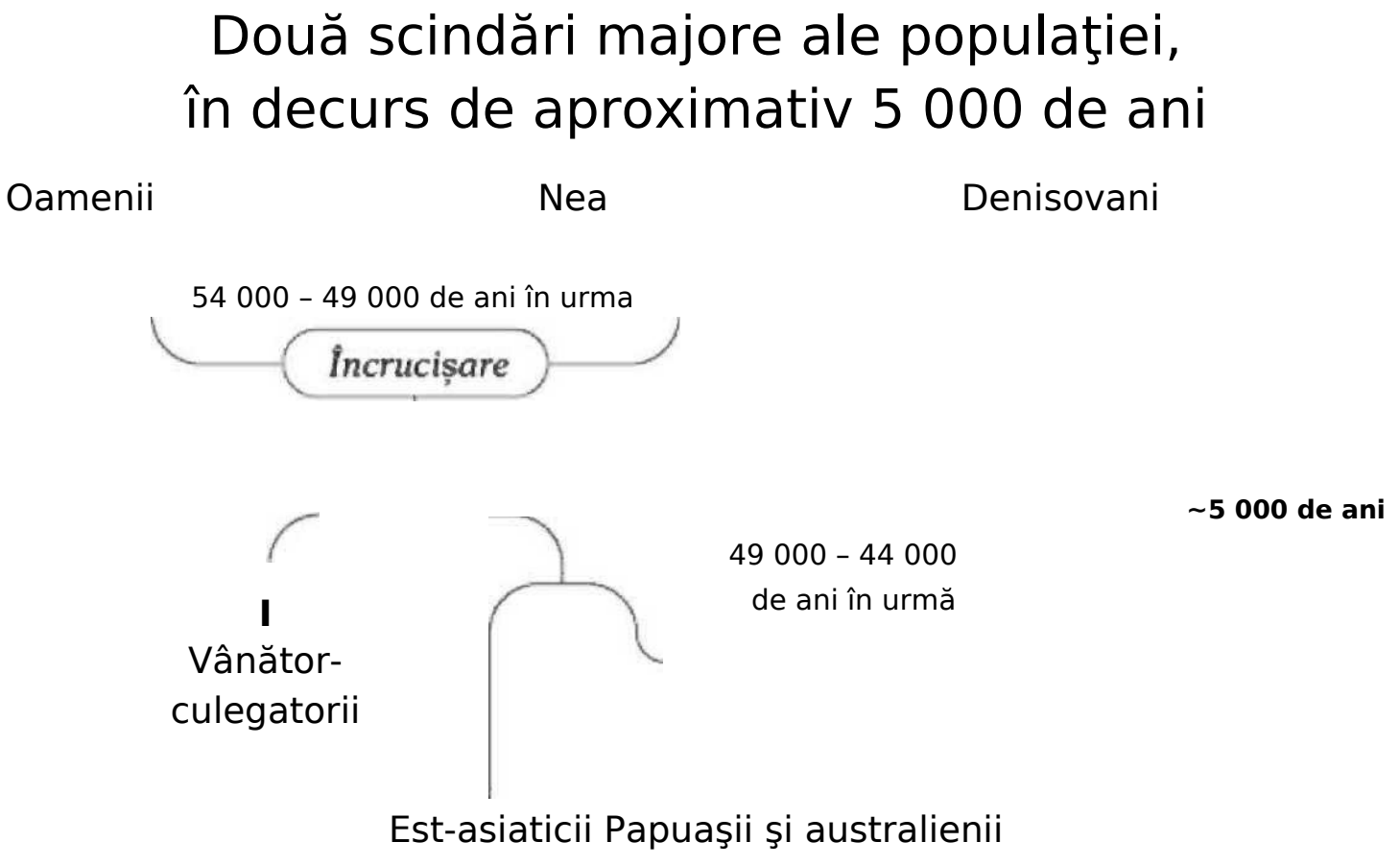



**Figura 22.** *Două scindări majore au avut loc în intervalul de aproximativ 5 OOO de ani dintre evenimentele de încrucişare cu Neander- thalienii si cu denisovanii.*

Oricare ar fi fost motivul pentru care tehnologia Paleoliticului Superior nu s-a răspândit niciodată în partea sudică a Asiei de Est, este clar, din ceea ce s-a întâmplat ulterior şi din succesul acestor populaţii în a înlocui populaţiile rezidente anterioare, precum denisovanii, că tehnologia Paleoliticului Superior, în sine, nu a fost esenţială răspândirii cu succes a oamenilor moderni în Eurasia acum aproximativ 50 000 de ani. A existat ceva mai profund decât tehnologia uneltelor de piatră din Paleoliticul Superior – tehnologia a fost numai o manifestare a inventivităţii şi capacităţii de adaptare –, care a permis acestor oameni moderni, care s-au răspândit, să domine oriunde, inclusiv în est.

## ÎNCEPUTURILE ASIEI DE EST MODERNE

Primul studiu genomic asupra populaţiilor est- asiatice moderne a fost publicat în 2009 şi conţinea date provenite de la aproape 2

000 de indivizi din aproximativ 75 de populaţii.[26] Autorii s-au concentrat asupra descoperirii faptului că diversitatea umană este mai mare în sud-estul Asiei decât în nord-estul Asiei. Ei au interpretat acest tipar ca dovadă a existenţei unui singur val de oameni moderni, care au ajuns în sud-estul Asiei şi apoi s-au răspândit, de acolo, înspre nord, în China şi dincolo de ea, urmând un model în care diversitatea genetică a populaţiilor de astăzi poate fi atribuită unei singure populaţii care a ieşit din Africa şi s-a răspândit peste tot, pierzând din diversitatea genetică pe măsură ce fiecare mic grup pionier a prosperat.[27] Dar astăzi cunoaştem faptul că acest model are, probabil, o utilizare limitată. în Europa au existat multiple înlocuiri de populaţii şi amestecuri semnificative, iar acum ştim, din studiul ADN-ului ancestral, că tiparele de diversitate din prezent, din vestul Eurasiei, oferă o imagine distorsionată a migraţiilor primilor oameni moderni în regiune.[28] Modelul migraţiei de la sud la nord, cu pierderea diversităţii pe traseu, este profund greşit în ceea ce priveşte Asia de Est.

în 2015, Chuanchao Wang a ajuns în laboratorul meu, aducând cu el o comoară: date la nivel de genom de la un număr de aproximativ 400 de indivizi de astăzi, din aproape 40 de populaţii diferite din China. China era rareori prezentă în studiul ADN-ului din cauza regulilor care limitau exportul de material biologic. Din această cauză, Wang şi colegii lui au făcut studiile genetice în China şi ne-au adus datele lor pe cale electronică. în următorul an şi jumătate, am

analizat aceste date împreună cu date provenite din alte ţări est-asiatice, care fuseseră publicate anterior, şi cu ADN-ul ancestral din estul îndepărtat al Rusiei, generat în laboratorul nostru. Acest studiu ne-a permis să obţinem noi perspective genetice cu privire la istoria profundă a populaţiilor din estul Asiei şi la originile locuitorilor actuali.[29]

Folosind analiza componentelor principale am găsit că moştenirea genetică a majorităţii est- asiaticilor care trăiesc astăzi poate fi descrisă prin trei grupuri.

Primul grup este centrat pe oamenii care trăiesc în prezent în bazinul fluviului Amur, la graniţa dintre nord-estul Chinei şi Rusia. Acesta cuprinde date despre ADN-ul ancestral pe care cei din laboratorul meu si altii le-au obtinut din bazinul Amurului. A rezultat că această regiune a fost locuită de populaţii asemănătoare din punct de vedere genetic timp de peste 8 000 de ani.[30]

Al doilea grup este localizat pe platoul tibetan, o arie vastă la nord de Himalaya care, în majoritatea sa, este situată la altitudini mult mai mari decât cele mai înalte vârfuri ale Alpilor europeni.

Al treilea grup este localizat în sud-estul Asiei şi este cel mai puternic reprezentat de indivizi din populaţiile indigene care trăiesc în insulele Hainan şi Taiwan de lângă coasta Chinei.

Am folosit statistica testului celor patru populaţii pentru a evalua modele ale posibilelor relaţii dintre populaţiile actuale care reprezintă aceste grupuri şi nativii americani, insularii andamanezi şi cei din

Noua Guinee. Aceste trei populaţii din urmă au fost în mare parte izolate de strămoşii continentali ai est- asiaticilor, cel puţin de pe vremea ultimei glaciaţii, iar moştenirea lor genetică est-asiatică poate fi folosită ca model de ADN ancestral din acea perioadă.

Analiza noastră a evidenţiat un model al istoriei populaţiei în care moştenirea genetică de la oamenii moderni a majorităţii est-asiaticilor care trăiesc pe continent provine, în mare parte, din amestecuri – în diferite proporţii – între două linii care s-au separat acum foarte multă vreme. Membrii acestor două linii genetice s-au răspândit în toate direcţiile, iar amestecul dintre ele cu unele populaţii, pe care le-au întâlnit în drum, a transformat peisajul uman al Asiei de Est.

## POPULAŢIILE FANTOMĂ DE PE MALURILE FLUVIULUI YANGTZE SI ALE FLUVIULUI GALBEN

Unul dintre cele câteva locuri în care agricultura a început, în mod independent, a fost China. Dovezile arheologice arată că, încă de acum aproximativ 9 000 de ani, agricultorii au început să lucreze pământurile bătute de vânt din apropierea Fluviului Galben din nordul Chinei, cultivând mei şi alte plante. Cam în aceeaşi perioadă, în sud, în apropierea fluviului Yangtze, un grup diferit de agricultori a început să cultive alte plante, incluziv orezul.[31] Agricultura din apropierea fluviului Yangtze s-a răspândit de-a lungul a două rute – o rută terestră, care a ajuns în Thailanda şi Vietnam, începând de acum 5

000 de ani, şi o rută maritimă, care a ajuns în Taiwan cam în aceeaşi perioadă. în India şi în Asia Centrală, agricultura chinezească s-a ciocnit pentru prima oară cu expan-siunea agriculturii din Orientul Apropiat. Tiparele lingvistice indică, de asemenea, posibilitatea mişcărilor populaţionale. Astăzi, limbile din estul continental al Asiei cuprind cel puţin 11 familii principale: sino-tibetana, tai-kadai, austroneziana, austro-asiatica, hmong-mien, japonica, indo- europeana, mongolica, turcica, tunguza şi coreeana. Peter Bellwood a susţinut că primele şase corespund răspândirii agricultorilor est-asiatici, care şi-au împrăştiat limba pe măsură ce s-au deplasat.[32]

Ce putem spune bazându-ne pe datele genetice? Din cauza restricţiilor de exportare a materialului scheletic din China, informaţiile pe care le deţine genetica în legătură cu istoria profundă a populaţiei în Asia de Est sunt cu mult în urma celor referitoare la Eurasia de Vest sau chiar si la America. Cu toate acestea, Wang a extras informaţii, atât cât s-a putut, bazându-se pe puţinele noastre date referitoare la ADN-ul ancestral şi pe tiparele de variaţie ale oamenilor din ziua de astăzi.

Am descoperit că în sud-estul Asiei şi în Taiwan există numeroase populaţii care îşi datorează cea mai mare parte a moştenirii lor genetice unei populaţii ancestrale omogene. Deoarece localizările acestor populaţii se suprapun puternic cu regiunile în care s-a răspândit cultivarea orezului, pornind din valea fluviului Yangtze, este tentant să

emitem ipoteza că provin din oameni care au dezvoltat cultivarea acestei plante. Nu avem încă ADN ancestral de la primii agricultori din valea fluviului Yangtze, dar bănuiesc că se va potrivi cu această „populaţie fantomă a fluviului Yangtze” reconstituită, nume pe care l-am dat populaţiei care a contribuit într-o proporţie covârşitoare la moştenirea genetică a sud-est-asiaticilor de astăzi.

Dar am găsit că chinezii han – cel mai mare grup din lume, numărând mai mult de 1,2 miliarde de oameni – nu descind direct din populaţia fantomă a fluviului Yangtze. în schimb, han au o mare proporţie de moştenire genetică provenită dintr-o altă linie profund divergentă a genealogiei est-asiatice. Cea mai mare proporţie a acestei alte moşteniri se găseşte la populaţia han din nord, lucru care concordă cu lucrările din 2009, care au arătat că grupul han deţine diferenţe subtile în lungul unui gradient de la nord la sud.[33] Acest tipar este de aşteptat, pornind de la istoria strămoşilor han, care au pornit dinspre nord şi s-au amestecat cu localnicii, pe măsură ce s-au răspândit către sud.[34]

Care anume ar putea fi acest alt tip de moştenire? Pe baza surselor istorice, se crede că chinezii han, care au unificat China în anul 202 î.e.n., au provenit din triburile Huaxia mai timpurii, care, la rândul lor, au provenit din grupuri şi mai timpurii din valea Fluviului Galben, din nordul Chinei. Aceasta a fost una din cele două regiuni ale Chinei în care a apărut agricultura şi este, de asemenea, locul de unde s-a răspândit agricultura spre platoul tibetan estic, începând de acum aproximativ 3 600 de ani.[35] De vreme ce han şi tibetanii

sunt, de asemenea, legaţi prin limbile sino-tibetane, ne întrebăm dacă nu ar putea să împărtăşească şi un tip distinct de moştenire.

Când Wang a construit modelul său referitor la istoria profundă a populaţiei est-asiatice, el a găsit că atât chinezii han, cât şi tibetanii aveau o mare proporţie din zestrea lor genetică provenită de la o populaţie care nu mai există sub o formă neamestecată şi pe care am putea-o exclude că ar fi contribuit la moştenirea genetică a multor populaţii sud-est-asiatice. Datorită dovezilor combinate, provenite din arheologie, lingvistică şi genetică, am numit această sursă „populaţia fantomă a Fluviului Galben", presupunând că a dezvoltat agricultura în nord şi a răspândit limbile sino-tibetane. ADN-ul ancestral de la primii agricultori din valea Fluviului Galben va demonstra dacă această ipoteză este corectă sau nu. Odată disponibil, acest ADN ancestral ne va permite, de asemenea, să aflăm mai multe despre caracteristicile istoriei populaţiei est-asiatice, care sunt imposibil de descifrat numai pe baza analizei populaţiilor care trăiesc astăzi şi a căror istorie a fost estompată de multe straturi suplimentare de migraţii şi amestecuri.

## MARILE AMESTECURI DE LA PERIFERIA ASIEI DE EST

Odată ce s-au format populaţiile agrare fundamentale din câmpia chineză – populaţia fantomă a fluviului Yangtze şi cea a Fluviului Galben ele s-au răspândit în toate direcţiile, amestecându- se cu grupurile care sosiseră în

mileniile de dinainte.

Oamenii de pe platoul tibetan – care deţin aproximativ două treimi din moştenirea lor genetică de la aceeaşi populaţie fantomă a Fluviului Galben, care a contribuit la apariţia populaţiei han – reprezintă un exemplu al acestei răspândiri. Se pare că ei au adus pentru prima oară agricultura în regiune, împreună cu aproximativ o treime din moştenirea genetică, de la o ramură anterioară de est-asiatici care ar corespunde triburilor indigene tibetane de vânător-culegători.[36]

Un alt exemplu sunt japonezii. Timp de multe zeci de mii de ani, arhipelagul japonez a fost dominat de vânător-culegători, dar, începând de acum aproximativ 2 300 de ani, agricultura provenită din partea continentală a început să fie practicată şi a fost asociată cu o cultură arheologică cu asemănări evidente culturilor contemporane din peninsula coreeană. Datele genetice confirmă faptul că răspândirea agriculturii în insule a fost mediată de migraţii. Privind populaţia japoneză de astăzi ca pe un amestec a două populaţii divergente de origine integral est-asiatică – una înrudită cu coreenii de astăzi şi una înrudită cu populaţia Ainu, care în prezent este limitată la cea mai nordică insulă japoneză şi al cărei ADN este asemănător cu cel al vânător-culegătorilor existenţi înainte de pătrunderea agriculturii[37] –, Naruya Saitou şi colegii săi au estimat că japonezii de astăzi au aproximativ 80% din moştenirea genetică provenită de la agricultori şi 20% de la strămoşii vânător-culegători. Bazându-ne pe dimensiunea segmentelor moştenite de la

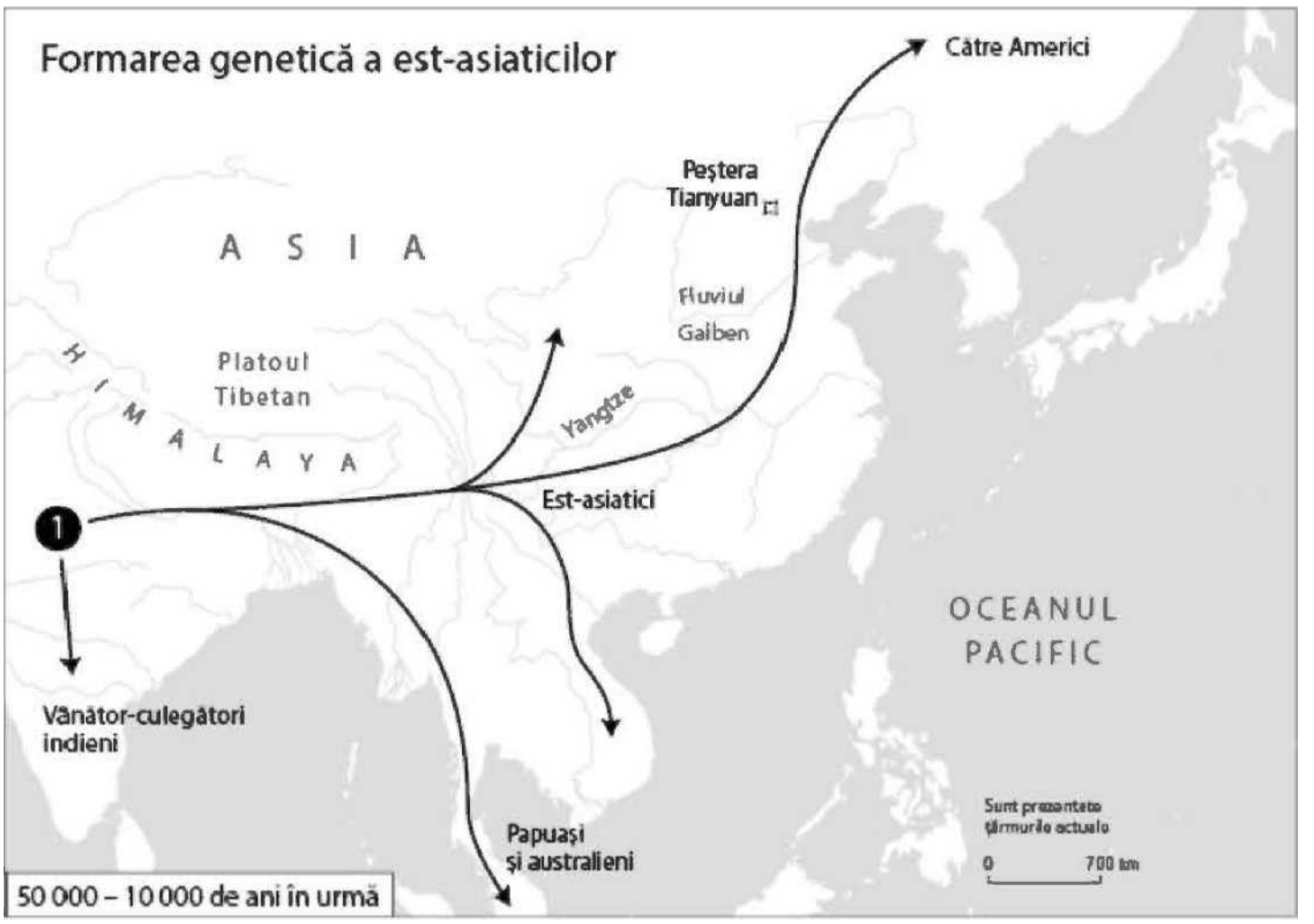
agricultori de către japonezii de astăzi, noi şi Saitou am estimat că data medie a amestecului a avut loc acum aproximativ 1 600 de ani.[38] Această dată este cu mult mai târzie decât sosirea primilor agricultori în regiune şi sugerează că, după sosirea lor, ar fi putut să treacă sute de ani până când să se înlăture segregarea socială dintre vânător-culegători şi agricultori. Data corespunde perioadei Kofun, prima dată când multe insule japoneze s-au unit sub o singură conducere, marcând, probabil, începuturile omogenizării care caracterizează atât de mult Japonia de astăzi.

ADN-ul ancestral dezvăluie, de asemenea, istoria profundă a oamenilor din sud-estul Asiei continentale. în 2017, laboratorul meu a extras ADN de la oameni datând de acum aproximativ 4 000 de ani, de la situl arheologic Man Bac din Vietnam, unde oameni, ale căror schelete sunt mai asemănătoare ca formă cu cele ale agricultorilor de pe valea fluviului Yangtze şi cu cele ale est-asiaticilor de astăzi, au fost îngropaţi, unii lângă alţii, alături de indivizi ale căror schelete sunt mai asemănătoare cu cele ale vânător- culegătorilor care locuiseră acolo mai înainte.[39] Mark Lipson, cercetător în laboratorul meu, a arătat că, în Vietnamul antic, toate probele pe care le-am analizat erau un amestec al unei linii timpuriu ramificate de est-eurasiatici cu populaţia fantomă a văii fluviului Yangtze, cu o proporţie mai mare de populaţie fantomă a văii fluviului Yangtze la unii dintre agricultorii Man Bac, pe care i-am analizat, decât la alţii.

Principalul grup de agricultori Man Bac aveau, de asemenea, proporţii de moştenire de la aceste două linii asemănătoare cu cele întâlnite la vorbitorii de astăzi ai unor limbi austro-asiatice izolate. Aceste descoperiri concordă cu teoria că limbile austro- asiatice s-au răspândit prin mişcarea cultivatorilor de orez din sudul Chinei, care s-au amestecat cu vânător-culegătorii locali.[40] Chiar şi astăzi, populaţii largi, vorbitoare de limbi austro-asiatice, din Cambodgia şi Vietnam, deţin proporţii substanţiale, deşi mai reduse, de moştenire genetică de la aceşti vânător-culegători.

Impactul genetic al răspândirii populaţiei care a dispersat, de asemenea, şi limbile austro-asiatice s-a manifestat si dincolo de locurile unde sunt vorbite aceste limbi astăzi. într-un alt studiu, Lipson a arătat că, în vestul Indoneziei, unde limbile austroneziene sunt predominante, o proporţie substanţială de moştenire genetică provine de la o populaţie care derivă din aceeaşi linie ca vorbitorii de limbi austro- asiatice de pe continent.[41] Descoperirea lui Lipson sugera că este posibil ca vorbitorii de austro-asiatică să fi venit primii în vestul Indoneziei, urmaţi de vorbitorii de austroneziană cu o moştenire genetică foarte diferită. Acest lucru ar putea explica de ce lingviştii Alexander Adelaar şi Roger Blench remarcau prezenţa unor cuvinte austro-asiatice împrumutate (cuvinte cu originea în alt grup lingvistic) de către limbile austroneziene vorbite în Borneo.[42] în mod alternativ, descoperirile lui Lipson ar putea fi explicate şi dacă agricultorii vorbitori de

austroneziană au făcut un ocol prin partea continentală, amestecându-se acolo cu populaţiile vorbitoare de limbi austro-asiatice, înainte de a se răspândi mai departe în vestul Indoneziei.



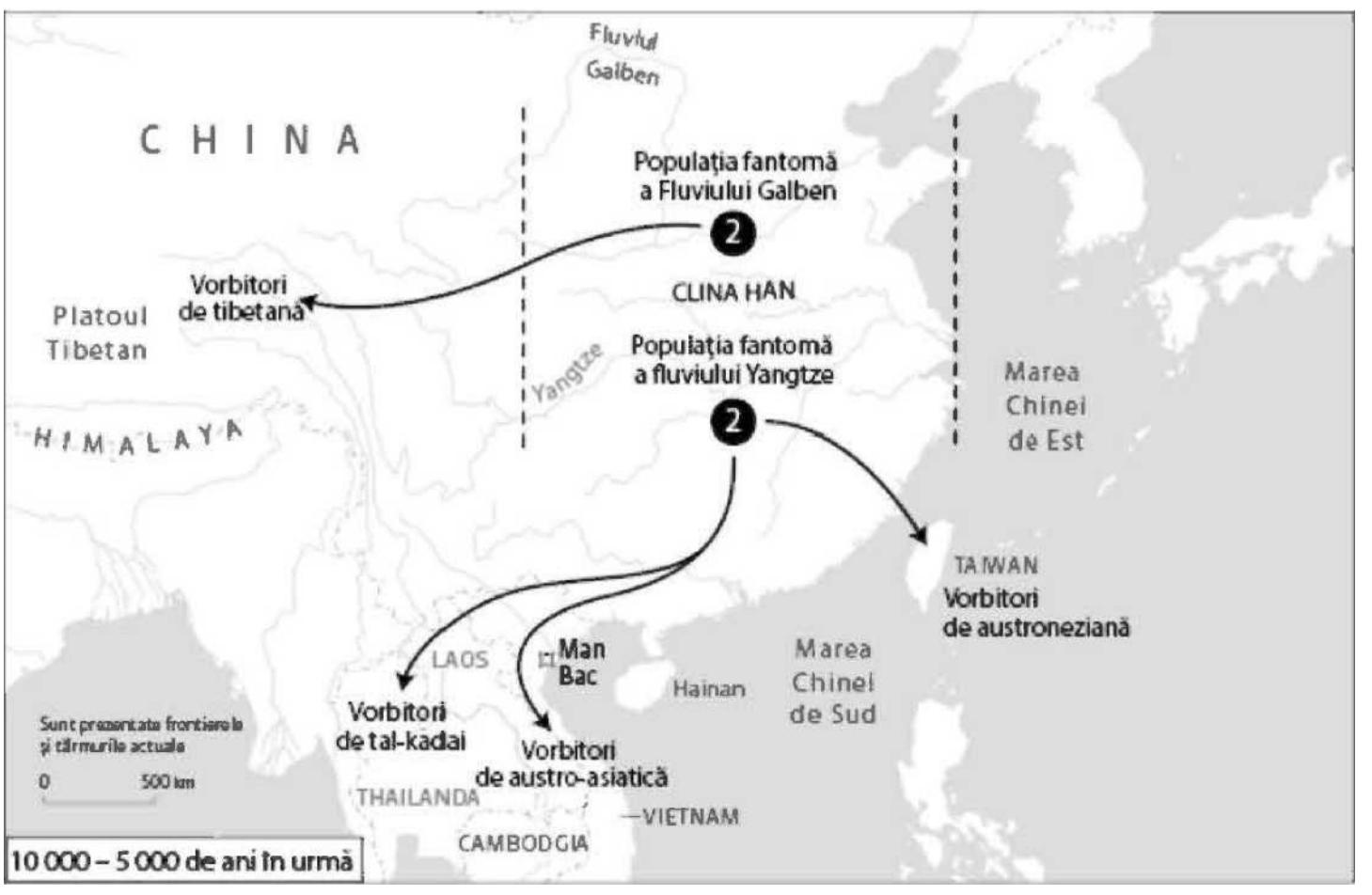




**Figura 23.** *Intre acum 50 OOO şi 10 OOO de ani, grupurile de vânător-culegători s-au diversificat şi s-au răspândit in nord-est, către Americi şi în sud-est, către Australia. Acum aproximativ 9 OOO de ani, două populaţii foarte diferite rezultate din această răspândire iniţială – una concentrată în jurul văii Fluviului Galben din nord şi cealaltă în jurul fluviului Yangtze – au dezvoltat, în mod independent, agricultura, iar acum aproximativ 5 OOO de ani s-au răspândit în toate direcţiile. În China, ciocnirea dintre ele a creat un gradient genetic de la nord către sud, întâlnit la populaţia han de astăzi.*

Cel mai impresionant exemplu al mişcării agricultorilor din centrul Asiei de Est către periferie este expansiunea austroneziană. în prezent, limbile austroneziene sunt răspândite pe un areal vast, incluzând sute de

insule îndepărtate din Pacific. Datele arheologice, lingvistice şi genetice, luate la un loc, au sugerat că, acum aproximativ 5 000 de ani, agricultori est-asiatici s-au răspândit în Taiwan, unde se găsesc cele mai adânci ramuri ale familiei de limbi austroneziene. Aceşti agricultori s-au răspândit spre sud, în Filipine, acum aproximativ 4 000 de ani, şi mai departe în sud, în insula principală a Noii Guinee şi în insulele mai mici din estul acesteia.[43] Cam pe vremea în care s-au răspândit din Taiwan, probabil că au inventat canoele cu stabilizator (furchet, n. tr.), bărci cu buşteni plasaţi în lateral pentru a creşte stabilitatea lor în ape agitate, făcând posibilă navigaţia în larg. Cu 3 300 de ani în urmă, popoarele străvechi, care confecţionau vase de lut în stilul numit Lapita, au apărut la est de Noua Guinee şi, la scurt timp după aceea, au început să se răspândească mai departe în Pacific, ajungând în scurt timp în insule precum Vanuatu, situate la 3 000 de kilometri depărtare de Noua Guinee. Le-a mai luat numai alte câteva sute de ani pentru a se răspândi în insulele polineziene vestice precum Tonga şi Samoa şi apoi, după o lungă pauză, care a durat până acum aproximativ 1 200 de ani, s-au răspândit în ultimele insule locuibile ale Pacificului, Noua Zeelandă, Hawaii şi Insula Paştelui, acum circa 800 de ani. Expansiunea austroneziană spre vest a fost la fel de impresionantă, atingând Madagascarul din largul coastei Africii, situat la 9 000 de kilometri vest de Filipine, acum cel puţin 1 300 de ani, şi explicând de ce aproape toate populaţiile indoneziene de astăzi, ca şi populaţia din Madagascar,

vorbesc limbi austroneziene.[44]

Mark Lipson, cercetător în laboratorul meu, a identificat un marcator genetic al expansiunii austroneziene – un tip de moştenire genetică aproape întotdeauna prezentă la oamenii care vorbesc astăzi limbi austroneziene. Lipson a descoperit că aproape toţi oamenii care vorbesc aceste limbi posedă cel puţin în parte moştenire genetică de la o populaţie care este mult mai apropiat înrudită cu aborigenii taiwanezi decât cu populaţia est-asiatică de pe continent. Această descoperire susţine teoria răspândirii din regiunea Taiwanului.[45]

Cu toate că există elemente comune de ordin genetic, lingvistic şi arheologic, care fac convingătoare teoria expansiunii austroneziene, unii geneticieni s-au împotrivit sugestiei că primii oameni care au populat insulele îndepărtate din sud-vestul Pacificului în cursul răspândirii culturii Lapita ar fi fost descendenţi neamestecaţi ai agricultorilor din Taiwan.[46] Cum ar fi putut aceşti emigranţi să treacă prin Papua Noua Guinee, care era ocupată cu mai mult de 40 000 de ani înainte, fără să se amestece decât foarte puţin cu locuitorii săi? Un astfel de scenariu părea improbabil având în vedere că, astăzi, toti insularii din Pacificul ce se întinde la est de Papua Noua Guinee au o moştenire genetică papuaşă de cel puţin 25%, unii ajungând până la 90%.[47] Cum s-ar putea potrivi acest scenariu cu ipoteza prevalentă conform căreia cultura arheologică Lapita ar fi fost făurită în cursul unei perioade de intense schimburi între oameni care erau, în esenţă, proveniţi

din centrul agricol al Chinei (prin intermediul Taiwanului) şi papuaşii din Noua Guinee?

în 2016, ADN-ul ancestral a lovit din nou, contrazicând teoria care dominase până atunci în literatura genetică. Este greu să găseşti ADN bine conservat în zonele tropicale precum cele din sudul Pacificului. Dar capacitatea de a obţine ADN valabil din Pacific s-a schimbat atunci când, după cum am descris deja, Ron Pinhasi şi colegii săi au arătat că ADN-ul din zona densă a stâncii temporalului, care conţine structurile urechii interne, conservă de până la o sută de ori mai mult ADN decât se poate obţine în mod obişnuit din alte oase.[48] Initial, ne-am chinuit să obţinem probe din Pacific, dar odată ce am încercat să extragem ADN-ul din stânca temporalului, norocul ni s-a schimbat.[49]

Am reuşit să obţinem ADN de la populaţia ancestrală din insulele Vanuatu şi Tonga, din Pacific, asociată culturii ceramicii Lapita şi care a trăit în perioada cuprinsă între 3 000 şi 2 500 de ani în urmă. Analizele noastre au arătat că, departe de a avea proporţii substanţiale de moştenire papuaşă, aceste probe erau lipsite sau conţineau foarte puţină zestre genetică de acest fel.[50] Aceasta arată că trebuie să fi existat o migraţie majoră mai târzie dinspre Noua Guinee spre Pacificul îndepărtat. Migraţia târzie trebuie să fi început acum cel puţin 2 400 de ani, deoarece toate probele din Vanuatu pe care le- am analizat, datând din acea perioadă şi după, au moştenire papuaşă de cel puţin 90°/o.[51] Rămâne un mister cum anume ar fi putut acest val ulterior să îi înlocuiască pe

descendenţii celor care creaseră ceramica Lapita şi totuşi să păstreze limba pe care probabil că o vorbiseră aceşti oameni. însă datele genetice arată că asta este ceea ce s-a întâmplat. Sunt genul de rezultate pe care numai genetica le poate oferi – dovezile clare că au avut loc mişcări umane majore. Dovada interacţiunii dintre oameni puternic diferenţiaţi genetic plasează mingea înapoi în terenul arheologilor, care trebuie să explice natura şi efectul acestor migraţii.

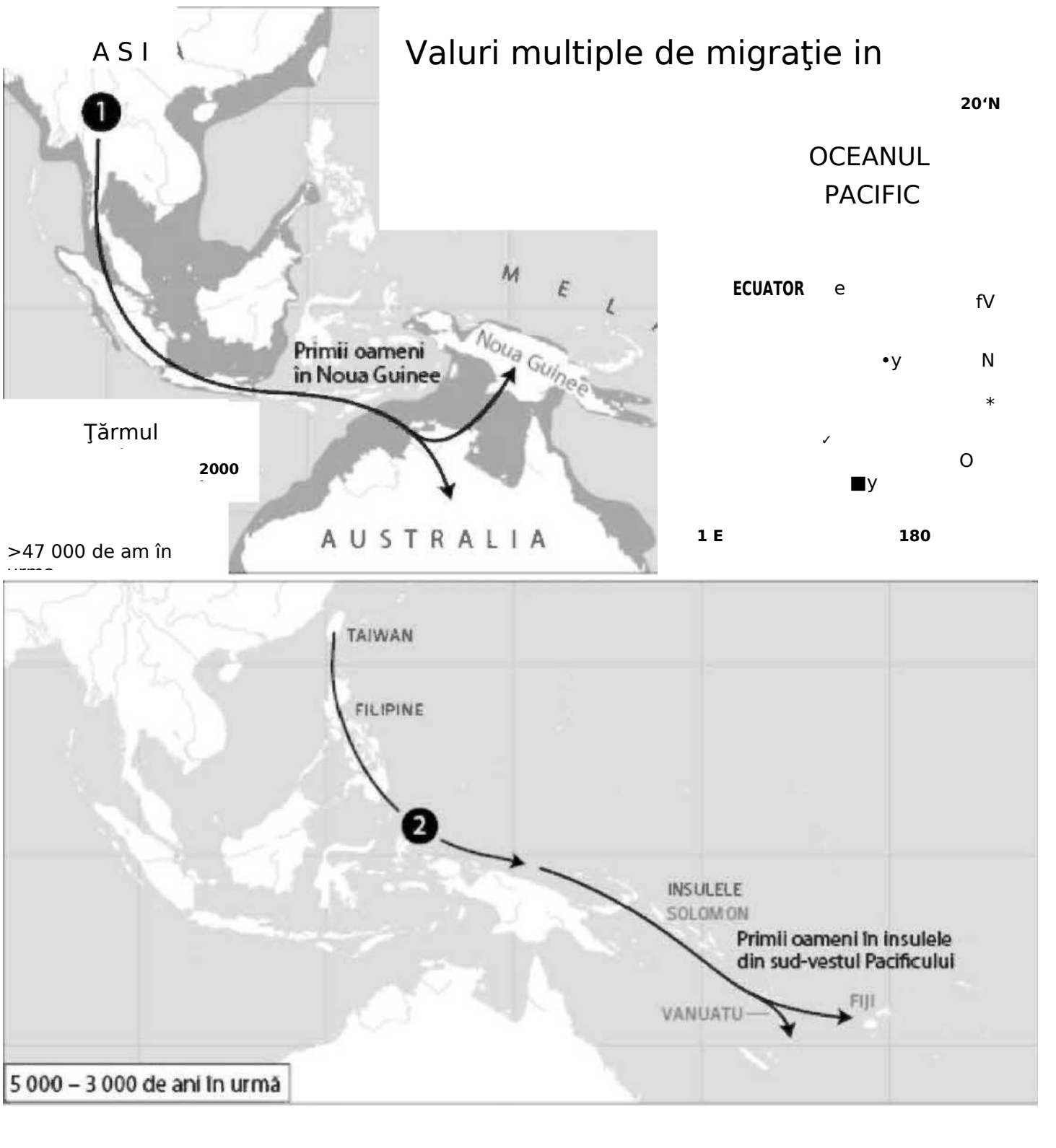



**Figura 24.** *ADN-ul ancestral arată că primii locuitori ai insulelor din sud-vestul Pacificului nu au avut niciun fel de moştenire genetică papuaşă, care este răspândită astăzi peste tot în regiune şi care a apărut în Noua Guinee mai târziu decât acum 50 000 de ani (sus). Emigranţii pionieri aveau aproape în întregime o moştenire genetică est-asiatică (mijloc), în timp ce multiple valuri ulterioare de migraţie au adus, în primul rând, influenţa genetică papuaşă (jos).*

ADN-ul ancestral din sud-vestul Pacificului a continuat să ducă la descoperiri neaşteptate. Atunci când noi şi laboratorul condus de Johannes Krause, lucrând în mod independent, am analizat moştenirea genetică papuaşă în Vanuatu, am găsit că era mai

îndeaproape înrudită cu cea a grupurilor care trăiesc în Insulele Bismarck de lângă Noua Guinee decât cu cea a grupurilor care trăiesc în prezent în Insulele Solomon – în ciuda faptului că Insulele Solomon se găsesc direct de-a lungul rutei navigabile spre Vanuatu.[52] De asemenea, am descoperit faptul că moştenirea genetică papuaşă prezentă în insulele îndepărtate ale Polineziei nu are o origine comună cu cea din Vanuatu. Astfel, trebuie că nu a fost vorba de una, nici de două, ci de trei migraţii majore în largul Pacificului, prima migraţie aducând moştenirea genetică est-asiatică şi cultura Lapita, iar migraţiile ulterioare aducând cel puţin două tipuri diferite de moştenire genetică papuaşă. Prin urmare, în locul unei istorii simple, răspândirea oamenilor în largul Pacificului a fost foarte complexă.

Putem oare spera că vom fi capabili vreodată să reconstituim detaliile acestor migraţii? Există toate motivele să fim optimişti. Imaginea referitoare la felul în care s-au format populaţiile de astăzi din insulele Pacificului este din ce în ce mai clară, graţie accesului la ADN-ul ancestral din regiune şi faptului că unele insule au istorii mai puţin complexe ale populaţiilor lor decât grupurile de pe continent, din cauza izolării lor, ceea ce permite o reconstituire mai uşoară a celor întâmplate. Prin studiile la nivelul genomului populaţiilor moderne şi ancestrale, vom avea, în curând, o imagine mult mai precisă a felului în care s-au mişcat oamenii prin această vastă regiune.

Dar, în prezent, înţelegerea celor întâmplate în partea continentală a Asiei de Est rămâne

obscură şi limitată. Răspândirea extraordinară a populaţiei han în cursul ultimelor 2 000 de ani a mai adăugat un nivel la amestecul masiv din cadrul unei structuri populaţionale complexe, care trebuie să se fi stabilit după mii de ani de agricultură în regiune, şi după apariţia şi dispariţia a numeroase grupuri din Epoca de Piatră, Epoca Aramei, Epoca Bronzului şi Epoca Fierului. Acest lucru înseamnă că orice încercare de a reconstitui istoria profundă a populaţiei din Asia de Est, bazată pe tiparele de variaţie ale oamenilor de astăzi, trebuie privită cu multă rezervă.

Dar acum, în timp ce scriu acest capitol, tsunamiul revoluţiei ADN-ului ancestral ajunge la apogeu şi, în curând, se va sparge pe malurile Asiei de Est. în China, au fost înfiinţate laboratoare de ultimă generaţie pentru studiul ADN-ului ancestral, care îşi turează motoarele pentru investigarea colecţiilor de materiale scheletice care s-au adunat în cursul deceniilor. Studiile asupra ADN-ului ancestral din aceste probe şi din alte schelete vor duce la reconstituirea modului în care sunt legaţi între ei oamenii din cultura străveche a Asiei de Est continentale si oamenii care trăiesc astăzi, înţelegerea interrelaţiilor profunde dintre populaţiile ancestrale ale est-asiaticilor si a mişcărilor

* * popoarelor

de la sfârşitul ultimei glaciaţii va deveni curând la fel de clară ca şi înţelegerea celor petrecute în Europa.

Dar este greu să facem preziceri în legătură

cu ce anume vor indica studiile ADN-ului ancestral din Asia de Est. Deşi am început să avem o idee relativ clară asupra celor petrecute în Europa, bătrânul continent nu reprezintă un exemplu clar pentru ceea ce este de aşteptat în cazul Asiei de Est, deoarece acesta a fost tangent unora dintre progresele economice şi tehnologice din ultimii 10 000 de ani, pe câtă vreme China a fost centrul unor schimbări precum invenţia locală a agriculturii. Ceea ce înseamnă că, în timp ce putem fi siguri că descoperirile obţinute din studierea ADN-ului ancestral din Asia de Est ne vor ilumina, nu cunoaştem încă în ce anume vor consta aceste

iluminări. Putem fi siguri doar de faptul că studiile ADN-ului ancestral ne vor schimba modul în care înţelegem trecutul oamenilor din cea mai populată parte a lumii.

# O serie de migraţii africane

300 000 – 250 000 de ani În urma

*Tranziţia la Paleoliticul Mijlociu*

70000 – 50000 de ani in

*Tranziţia la Paleoliticul Superior*

770 000 – 550 000 de ani in urmă Estimarea genetică a separării populaţiei de Neanderthalieni de oamenii moderni

2 30 000 – 200 000 de ani în urma Cele mai vechi fosile cu trăsături comune cu cele ale oamenilor moderni anatomic (Jebel Irhoud. Maroc)

800 000 dc am in urmă -700000 de ani În urmâ

Posibilă desprindere a unei descendenţe arhaice afncane care s-a reamestecat cu africanii in ultimele zeci de mu de am

0

**PERIOADA DE**

4000-l 000 de a ni in urma

Expansiunea Bantu răspândeşte agricultura din Africa de Vest si Centrală si domesticirea animalelor din

1 800 – 800 de ani În urma

Expansiunea păstorilor răspândeşte limbile khoe-kwadi in sudul

6 000
de ani în urmă

4 000
de ani în

2 000 de ani
în umnă

Proent

8 100- 1 400 de ani În urmă
Strămoşii san.
acum limitaţi doar la sudul Africii.
s-au răspândit mult spre nord.

>1 400 de ani in urma Populaţie cu o treime moştenire genetică înrudită cu san continuă să trăiască în insulele din largul

9 OOO de ani în urma – prezent

# CAPITOLUL 9

# REALĂTURAREA AFRICII LA ISTORIA OMENIRII

## O NOUĂ PERSPECTIVĂ ASUPRA PATRIEI NOASTRE AFRICANE

Recunoaşterea rolului central jucat de Africa în istoria omenirii a abătut, în mod paradoxal, atentia de la ultimii 50 000 de ani ai istoriei sale.

Studierea intensă a ceea ce s-a întâmplat în Africa înainte de acum 50 000 de ani este motivată de recunoaşterea universală a importanţei trecerii de la Epoca Mijlocie a Pietrei la Epoca Târzie a Pietrei în Africa şi de la Paleoliticul Mijlociu la Paleoliticul Superior în afara Africii, acele mari salturi înainte în comportamentul uman modern recognoscibil, atestat în evidenţa arheologică. Cu toate acestea, savanţii au manifestat un interes limitat faţă de Africa după această perioadă. Atunci când merg la conferinţe, o formulare comună pe care o aud este că „am părăsit Africa”, de parcă protagonişti istoriei umane moderne trebuie să fie urmăriţi în Eurasia. Se creează astfel impresia greşită că, odată ce Africa a dat naştere populaţiei ancestrale de non-africani, istoria sa s-a încheiat si că oamenii care au rămas acolo sunt relicve

statice ale trecutului, eliminaţi din planul principal şi neschimbaţi în ultimii 50 000 de ani.

Contrastul dintre bogăţia de informaţie pe care o deţinem cu privire la istoria umană din Eurasia, din ultimii 50 000 de ani, şi sărăcia de informaţie despre Africa din aceeaşi perioadă este extraordinar. în Europa, unde s-a desfăşurat cea mai mare parte a cercetărilor, arheologii au documentat o serie detaliată de transformări culturale: de la Neanderthalieni la oamenii moderni pre-aurignacieni, la aurignacieni, la gravettieni şi la oamenii care au practicat cultura mezolitică, apoi la agricultorii din Epoca de Piatră şi la succesorii lor din epocile Cuprului, Bronzului şi Fierului. Revoluţia ADN-ului ancestral – care a prelevat în mod disproporţionat mostre osoase din Eurasia şi mai ales din Europa – a sporit şi mai mult decalajul în înţelegerea preistoriei Africii, comparativ cu cea a Eurasiei.

Dar, desigur, ceea ce au arătat toate investigaţiile care nu merg la fondul problemei este că oamenii „rămaşi în urmă” în Africa s-au schimbat la fel de mult ca şi descendenţii celor care au emigrat. Principalul motiv pentru care nu cunoaştem prea multe lucruri despre istoria umană modernă din Africa este lipsa cercetărilor. Istoria umană din Africa din ultimii zeci de mii de ani este o parte integrantă a istoriei speciei noastre. Faptul că ne concentrăm pe ideea Africii drept locul de origine al speciei noastre, deşi pare a sublinia importanţa Africii, în mod paradoxal, îi face Africii un

deserviciu, îndepărtând atenţia de la modul în care populaţiile care au rămas în Africa au ajuns să fie ceea ce sunt astăzi. Cu ajutorul studiilor ADN-ului modern şi ancestral, putem corecta acest lucru.

## AMESTECUL PROFUND CARE A FORMAT OAMENII MODERNI

în 2012, Sarah Tishlcoff şi colegii săi au studiat impactul biologic al amestecurilor arhaice asupra genomurilor africanilor de astăzi, fără să aibă acces la genomuri străvechi precum cel al Neanderthalienilor sau denisovanilor, care au fost folosite pentru studierea împerecherii dintre oamenii arhaici şi cei moderni, în Eurasia.[1]

Tishkoff şi colegii săi au secvenţiat genomuri provenite de la unele dintre cele mai diverse populaţii ale Africii şi au analizat datele obţinute, în căutarea unui tipar presupus a fi existat atunci când au avut loc încrucişări cu oamenii arhaici: segmente foarte lungi de ADN care au o densitate mare a diferenţelor, comparativ cu majoritatea celorlalte genomuri, care se potrivesc cu ideea originii într-o populaţie înalt divergentă, izolată până recent de oamenii moderni.[2] Atunci când au aplicat această abordare non-africanilor din ziua de astăzi, au găsit segmente de ADN care se potriveau aproape perfect cu secvenţele Neanderthaliene. Tishkoff şi colegii săi au găsit, de asemenea, segmente lungi de secvenţe profund divergente la africanii de astăzi, ai căror strămoşi nu s-au împerecheat cu

Neanderthalienii. Deoarece Neanderthalienii au contribuit puţin sau chiar deloc la zestrea genetică a africanilor, aceste segmente descoperite păreau a fi rezultatul unui amestec cu oameni africani arhaici misterioşi – populaţii fantomă ale căror genomuri nu au fost încă secventiate.

Folosind acelaşi gen de semnătură genetică, Jeffrey Wall si Michael Hammer au încercat să afle câte ceva despre relaţiile populaţiilor arhaice cu africanii de astăzi.[3] Ei au estimat că populaţia arhaică s-a separat de strămoşii oamenilor din prezent din Africa acum aproximativ 700 000 de ani şi s-au reamestecat acum aproximativ 35 000 de ani, contribuind cam cu 2% la genomul populaţiilor africane actuale. Totuşi, este important să privim cu precauţie aceste date şi proporţiile aproximative ale amestecului, din cauza incertitudinilor cu privire la rata cu care apar mutaţiile la oameni si din cauza numărului limitat de

J * probe pe care le-au analizat Wall şi Hammer.

Posibilitatea amestecului între oamenii moderni si cei arhaici în Africa Subsaharianã este incitantă; există chiar şi rămăşiţe umane în vestul Africii, care datează de acum aproximativ 11 000 de ani şi care au trăsături arhaice, oferind dovezi scheletice în favoarea ideii că oamenii arhaici si cei moderni au coexistat în Africa până relativ de curând.[4] Astfel, ar fi existat ocazii nenumărate de încrucişare cu oamenii arhaici, pe măsură ce oamenii moderni s-au răspândit în interiorul Africii, la fel cum au făcut-o şi în Eurasia.

Dacă proporţia de amestec cu oamenii

arhaici africani a fost de numai 2%, după cum au estimat Wall şi Hammer, este posibil ca aceştia să fi avut doar un efect biologic modest, asemănător cu efectul contribuţiei Neanderthalienilor si denisovanilor la zestrea genetică a oamenilor de astăzi, din afara Africii. Cu toate acestea, nu este exclusă posibilitatea unor evenimente majore de amestec în istoria străveche a Africii. Cea mai bună dovadă a unui amestec profund al oamenilor moderni din Africa Subsahariană provine din frecvenţa mutaţiilor. La o generaţie după apariţia unei mutaţii, aceasta este foarte rară, fiind prezentă la o singură persoană. în generaţiile ulterioare, frecvenţa mutaţiei fluctuează în sus sau în jos în mod aleatoriu, depinzând de numărul de descendenţi cărora se întâmplă să le fie transmisă. Cele mai multe mutaţii nu ating niciodată o frecvenţă substanţială, deoarece, la un moment dat, puţinii lor purtători se întâmplă să nu le transmită copiilor lor, ceea ce face ca frecvenţa acestor mutaţii să varieze până la 0% şi să dispară pentru totdeauna.

Prin pompări continue în populaţie a unor mutaţii noi şi rare, este de aşteptat să existe mai puţine mutaţii comune decât mutaţii rare în respectiva populaţie. Frecvenţele mutaţiilor care sunt variabile în cadrul unei populaţii sunt de aşteptat, în fapt, să urmeze o regulă inversă, la o frecvenţă de 10% apărând de două ori mai multe mutaţii decât la o frecventă de 20% si de două ori mai multe astfel de

mutaţii la o frecvenţă de 20%, decât la o frecvenţă de 40%.

Colegul meu, Nick Patterson, a testat această probabilitate concentrându-se pe mutaţiile prezente la un număr mare de indivizi din grupul Yoruba, din Nigeria, care erau prezente, de asemenea, şi în genomul Neanderthalienilor.[5] Accentul pus de Patterson pe mutaţiile întâlnite la Neanderthalieni a fost o abordare inteligentă; el ştia că mutaţiile descoperite în acest fel erau, aproape cu certitudine, frecvente la populaţia ancestrală comună a oamenilor si a Neanderthalienilor si, în consecinţă, si la urmaşii lor. Matematic, aşteptarea ca aceste mutaţii să fie comune este contrabalansată precis de legea inversă, cu rezultatul că mutaţiile care îndeplinesc aceste criterii sunt de aşteptat să fie în mod egal distribuite la toate frecvenţele.

însă datele reale au prezentat un tipar diferit. Când Patterson a examinat secvenţele de la grupul Yoruba de astăzi, el a observat, în locul unei distribuţii egale la toate frecvenţele, o rată foarte crescută a mutaţiilor atât la frecventele foarte crescute, cât si la cele foarte scăzute. Această distribuţie în formă de „U” a frecvenţelor mutaţiilor este ceea ce ar fi de aşteptat în cazul unor amestecuri ancestrale. După ce două populaţii se separă, apar fluctuaţii randomiale de frecvenţe, în cadrul fiecărei populaţii, astfel încât mutaţiile care variază întâmplător, cu frecvenţe cuprinse între O şi 100%, într-o populaţie, nu sunt de aşteptat să fie aceleaşi care fluctuează în acelaşi mod într-o altă populaţie. Atunci când cele două populaţii se reamestecă, mutaţiile care au atins o

frecventă
maximă într-una dintre populaţii, dar nu şi în cealaltă, vor fi reintroduse ca tipuri genetice variabile. Acest lucru va produce vârfuri de densitate mutaţională suplimentară în populaţia mixtă. Primul vârf, corespunzând mutaţiilor care au crescut la o frecvenţă maximă în prima populaţie, este de aşteptat să apară la o anumită proporţie a amestecului, în timp ce al doilea vârf, corespunzând mutaţiilor care au atins frecvente maxime în cea de-a
doua populaţie, este de aşteptat să pornească de la o valoare de 100%, minus proporţia amestecului. Acesta este exact tiparul pe care l-a găsit Patterson. El a arătat că acest tipar poate fi explicat dacă Yoruba provine dintr-un amestec, în proporţii aproape egale, dintre două populaţii foarte diferite.

Patterson a testat dacă aceste tipare observate erau concor-dante cu un model conform căruia numai Yoruba provine din acest amestec, dar nu şi non- africanii. Dar a fost contrazis de date. în schimb, toate descendentele non-africane – si chiar si descendenţele africane divergente, precum cea a vânător-culegătorilor san – par, de asemenea, să fi provenit dintr-un amestec asemănător. Astfel, cu toate că Patterson a început prin a cerceta vest- africanii, încrucişarea pe care a detectat-o nu era specifică acestei populaţii. Mai curând părea să fie vorba despre un eveniment comun din istoria străveche a oamenilor din ziua de astăzi, sugerând că amestecul este posibil să fi avut loc aproape de momentul în care au

apărut, pentru prima dată, trăsăturile oamenilor moderni anatomic în rămăşiţele scheletice, de acum aproximativ 300 000 de ani.[6]

Descoperirile lui Patterson au rezonat cu o descoperire din 2011, făcută de Heng Li şi Richard Durbin (discutată în partea I a acestei cărţi), care a reconstituit istoria dimensiunilor populaţiei umane pornind de la genomul unei singure persoane.[7] Studiul compara secvenţa genomică pe care o moşteneşte o persoană de la mama sa cu secvenţa pe care o primeşte de la tatăl său. S-au găsit mai puţine locuri din genom pentru care vârsta reconstituită a unui strămoş comun corespundea intervalului cuprins între 400 000 – 150 000 de ani în urmă decât ar fi fost de aşteptat, dacă populaţia ar fi avut o dimensiune constantă.[8] O explicaţie posibilă a acestui rezultat ar fi faptul că populaţia ancestrală a tuturor oamenilor moderni a fost una foarte numeroasă, în toată această perioadă, ceea ce ar însemna că probabilitatea ca oricare două genomuri de astăzi să aibă un anumit strămos comun în acest moment este foarte mică (existând mulţi strămoşi posibili în fiecare generaţie). Dar cealaltă posibilitate este ca populaţia umană ancestrală să fi fost alcătuită nu dintr-un grup care se încrucişa liber, ci din mai multe grupuri înalt divergente între ele şi, prin urmare, descendentii strămoşi ai oamenilor de astăzi erau izolaţi în populaţii separate pe atunci. Acest tipar s-ar putea să reflecte acelaşi eveniment de încrucişare pe care l-a evidenţiat Patterson prin studiul său referitor

la frecvenţele mutaţiilor. Timpul reconstituit corespunde unei perioade din care există dovezi scheletice ale suprapunerii de forme umane arhaice şi oameni moderni, în Africa. De exemplu, scheletele de *Homo naledi,* descoperite recent într-o peşteră din Africa de Sud, aveau corpuri relativ asemănătoare cu cele ale oamenilor moderni, dar creierele erau mult mai mici decât cele ale oamenilor moderni si datau de acum 340 000 – 230 000 de ani.[9]

A existat, de asemenea, o a treia serie de dovezi ale amestecului arhaic. O părere comună este aceea că vânător-culegătorii san din sudul Africii provin, în mare măsură, dintr-o linie care s-a separat de cea care a condus la apariţia tuturor celorlalte linii ale oamenilor moderni de astăzi, înainte ca acestea să se fi separat unele de celelalte.[10] Dacă aşa stau lucrurile, ar fi de aşteptat ca grupul san să împărtăşească mutatii, exact la aceeaşi rată, cu toti ceilalţi non- africani sudici. Dar Pontus Skoglund, cercetător în cadrul laboratorului meu, a arătat că populaţia san împărtăşeşte mai multe mutatii cu africanii din est si din centru decât cu cei din vest, precum grupul Yoruba din Nigeria.[11] Această constatare poate fi explicată dacă populaţiile vest-africane ar poseda o zestre genetică mai mare din partea uneia dintre populaţiile care s-au desprins mai timpuriu decât populaţiile non-africane. Probabil că toţi oamenii de astăzi sunt un amestec între două mari grupuri ancestrale înalt divergente, cea mai mare proporţie de ADN întâlnindu-se la vest-africani, dar toate populaţiile

moştenind material genetic de la ambele.

Aceste rezultate sugerează posibilitatea ca amestecul major în Africa să se fi produs cu mult înainte de acum 50 000 de ani, când a înflorit pe deplin comportamentul oamenilor moderni, după cum reiese din datele arheologice. Acest amestec nu a fost un eveniment minor, cum ar fi amestecul de 2% material genetic Neanderthalian la non-africani sau descendenţa africanilor dintr-o populaţie fantomă arhaică, descoperită de Wall şi Hammer. Deoarece acest amestec a fost unul apropiat de 50/50, nu este nici măcar limpede care din cele două populaţii sursă ar trebui să fie considerată cu adevărat arhaică si care modernă. Probabil că niciuna din ele nu a fost modernă sau niciuna nu a fost arhaică. Probabil că amestecul în sine a fost esenţial pentru apariţia oamenilor moderni, aducând laolaltă trăsături biologice provenite de la cele două populaţii care s-au amestecat, combinându-le în moduri noi, care au fost avantajoase pentru populaţia nou formată.

## CUM A ARUNCAT AGRICULTURA UN VĂL PESTE TRECUTUL AFRICII

De unde putem începe să aflăm ce anume s-a întâmplat în Africa după ce a apărut populaţia ancestrală de oameni moderni şi după ce strămoşii non-africanilor de astăzi s-au răspândit afară din Africa şi din Orientul Apropiat, acum aproximativ 50 000 de ani? Există o multitudine de informaţii disponibile studiului, deoarece secvenţele de genom african sunt cam cu o treime mai diverse

decât cele non-africane. Diversitatea umană din Africa este extraordinară nu numai în interiorul unei populaţii, ci şi între ele, întrucât unele perechi de populaţii africane au fost izolate pentru o perioadă de până la patru ori mai lungă decât oricare alte perechi de populaţii din afara continentului african, după cum se reflectă în faptul că, pentru unele perechi de populaţii – ca, de exemplu, populaţia de vânător- culegători san din sudul Africii sau Yoruba din Nigeria –, densitatea minimă a mutaţiilor care le separă genomurile este cu mult mai mare decât cea a oricăror alte perechi de genomuri din afara Africii.[12]

Dar descoperirea trecutului îndepărtat al africanilor, pornind de la populaţiile care trăiesc în prezent, reprezintă o abordare foarte provocatoare întrucât, cu toate că multe dintre variaţiile ancestrale încă mai există la oamenii de acum, totul este amestecat. Cea mai recentă amestecare a populaţiilor a apărut în ultimele mii de ani, din cauza a cel puţin patru mari expansiuni, toate asociate cu răspândirea grupurilor lingvistice, cele mai multe dintre ele fiind provocate de răspândirea agricultorilor.[13] Aceste expansiuni au aruncat un văl peste trecutul africanilor, mişcând populaţii pe distanţe de mii de kilometri faţă de locurile lor de origine, unde au înlocuit sau s-au amestecat cu alte populaţii, care se răspândiseră acolo mai înainte. Din acest punct de vedere, studiul populaţiilor africane nu este diferit de studiul celor eurasiatice, care s-au schimbat şi ele în cursul ultimelor câteva mii de ani.

Expansiunea agricultorilor care a avut cel mai mare impact asupra Africii este cea asociată cu oamenii care vorbesc limbi din familia bantu.[14] Studiile arheologice au documentat cum, începând de acum aproximativ 4 000 de ani, o nouă cultură s-a răspândit în afara regiunii, la graniţa dintre Nigeria şi Camerun, în Africa de Vest Centrală. Oamenii acestei culturi trăiau la liziera pădurii cu savana aflată în expansiune şi au dezvoltat un set de culturi agricole foarte productive, capabile să susţină o populaţie densă.[15] Acum aproximativ 2 500 de ani, ei s-au răspândit până la Lacul Victoria, din estul Africii, şi deţineau tehnologia confecţionării uneltelor din fier[16], iar acum circa 1 700 de ani ajunseseră în sudul Africii.[17] Consecinţa acestei expansiuni este faptul că majoritatea oamenilor din estul, centrul şi sudul Africii vorbesc limbi bantu, cele mai diverse astăzi în Camerun, fapt concordant cu teoria că limbile protobantu îşi au originea acolo şi au fost răspândite de cultura care s-a extins şi ea acum aproximativ 4 000 de ani.[18] Limbile bantu sunt un subgrup al unei familii mai mari de limbi nigero-congoleze care cuprind cele mai multe limbi din Africa de Vest[19], ceea ce pare să explice de ce astăzi frecvenţa mutaţiilor în grupurile din Nigeria şi Zambia sunt mult mai asemănătoare decât frecventa mutaţiilor din Germania şi Italia, în ciuda faptului că primele două ţări menţionate sunt separate de o distanţă geografică cu mult mai mare.

# O posibilă nouă descendenţă profundă din trecutul oamenilor moderni

**Figura 25.** *Relaţiile profunde dintre liniile umane moderne de astăzi sunt departe de a fi simple. Un model pe cared sugerează descoperirile genomice este că separarea cea mai veche a oamenilor moderni în Africa a condus la o linie reprezentată în cea mai mare proporţie în vestul A fricii, o separare care trebuie să fi apărut intr-o perioadă cuprinsă între acum 300 OOO şi 200 OOO de ani, data separării strămoşilor căutători est-africani şi sud-africani. O expansiune a oamenilor moderni, asociată cu tranziţia la Epoca Veche a Pietrei şi la Paleoliticul Superior, de după acum 50 OOO de ani, ar fi putut apoi să conecteze toate populaţiile din Africa.*

Metode genetice ultra-sensibile, care pot detecta strămoşii comuni ai unor perechi de

indivizi în ultimele câteva mii de ani, ne-au permis acum să aflăm câte ceva despre traseele geografice ale expansiunii bantu. Variaţia genetică a vorbitorilor de bantu din Africa de Est este mai îndeaproape înrudită cu variaţia genetică a celor din Malawi, din sudul pădurilor tropicale central-africane, decât este cu variaţiile genetice ale celor din Camerun.[20] Acest fapt sugerează că expansiunea bantu iniţială s-a petrecut în mare parte către sud şi că mişcarea către Africa de Est a reprezentat o expansiune mai târzie a acestora, după ce au ajuns în sud. Această idee contrastează cu teoria mişcării directe spre est, pornind din Camerun, o teorie plauzibilă înaintea apariţiei datelor genetice.

O altă expansiune agrară care a avut un impact profund este cea care a răspândit limbile nilo- sahariene, vorbite de grupuri localizate între Mali şi Tanzania. Multi vorbitori de nilo-saharianã sunt crescători de vite şi există ideea larg acceptată că răspândirea nilo-saharienei a fost propulsată de propagarea agriculturii şi păstoritului în regiunea uscată a Sahelului, în perioada înaintării deşertului Sahara, din ultimele 5 000 de ani. O ramură importantă a familiei nilo-sahariene este reprezentată de limbile nilotice, vorbite cel mai mult de crescătorii de vite din lungul Nilului şi din Africa de Est, incluzându-i pe Maasai şi Dinka. Datele genetice arată clar că păstorii vorbitori de nilotică nu au fost întotdeauna dezavantajaţi social, prin comparaţie cu agricultorii, în zonele de frontieră unde se întâlneau unii cu

ceilalţi. De exemplu, grupul Luo din vestul Kenyei (din care făcea parte tatăl fostului preşedinte al Statelor Unite, Barack Obama) este un grup predominant de agricultori, care vorbesc o limbă nilotică. Dar George Ayodo, un om de ştiinţă expert în Luo din Kenya, care a petrecut un timp în laboratorul meu, a găsit că frecvenţele mutaţiilor în cadrul grupului Luo sunt mult mai asemănătoare cu cele ale majorităţii vorbitorilor de bantu, reflectând, se pare, o istorie în care vorbitorii de bantu din Africa de Est au adoptat o limbă nilo-sahariană de la vecinii lor de rang înalt.[21]

Expansiunea limbilor africane a căror origine este cea mai neclară este asociată cu limbile din familia afro-asiatică. Ele sunt cele mai diverse în Etiopia de astăzi, fapt care întăreşte teoria că nord-estul Africii a fost locul natal al vorbitorilor originari ai acestor limbi.[22] Dar familia de limbi afro-asiatice conţine si o

ramură localizată în Orientul Apropiat[*5], care include araba, ebraica şi vechea akkadiană. Pe această bază, s-a lansat ipoteza conform căreia răspândirea limbilor afro-asiatice, sau cel puţin a unora dintre ramurile lor, ar fi putut să fie legată de răspândirea agriculturii din Orientul Apropiat[23], care a introdus orzul, grâul şi alte culturi din Orientul Apropiat în nord-estul Africii, acum aproximativ 7 000 de ani.[24] Apar deja noi perspective din studiile ADN-ului ancestral, care fac posibilă documentarea migraţiilor străvechi între Orientul Apropiat şi Africa de Nord, care ar fi putut să răspândească limbile, cultura şi grânele cultivate. în 2016 şi 2017, laboratorul

meu a publicat două lucrări care arătau că o trăsătură comună a multor grupuri est-africane, inclusiv a celor care nu vorbesc limbi afro-asiatice, este aceea că deţin o moştenire genetică substanţială de la oamenii înrudiţi cu agricultorii care au trăit în Orientul Apropiat acum aproximativ 10 000 de ani.[25] Cercetările noastre au descoperit, de asemenea, o dovadă puternică a existenţei unui al doilea val de amestec asociat vest-africanilor – de data aceasta agricultorii înrudiţi cu iranienii având şi ei o contribuţie, aşa cum era de aşteptat de la o răspândire dinspre Orientul Apropiat în Epoca Bronzului – si au arătat că această moştenire genetică este larg răspândită la oamenii de astăzi din Somalia şi Etiopia, care vorbesc limbi afro-asiatice din subfamilia cuşitică. Astfel, datele genetice oferă dovezi ale existenţei a cel puţin două valuri majore de mişcări ale populaţiilor de la nord la sud, în perioada în care limbile afro-asiatice se răspândeau şi se diversificau, dar nicio dovadă a vreunei migraţii de la sud către nord (aproape că nu există niciun fel de moştenire genetică provenită de la africanii subsaharieni la oamenii din Orientul Apropiat sau la egipteni, înaintea perioadei medievale).[26] Genele nu determină care este limba vorbită de un individ si astfel nu pot să ofere un răspuns definitiv în favoarea unei teorii sau a celeilalte, în sensul precizării locului de origine a limbilor afro-asiatice ca fiind Africa Subsahariană, Africa de Nord, Arabia sau Orientul Apropiat. Dar nu există niciun dubiu că datele genetice sporesc plauzibilitatea ideii

că agricultorii din Orientul Apropiat reprezintă populaţia sursă, cel puţin pentru unele dintre limbile afro-asiatice, iar descoperirile genetice ridică întrebarea privind limbile care erau vorbite de către aceşti emigranţi de la nord către sud.

## Principalele grupe lingvistice din Africa

I ___; Afro-asiatice
I I Nilo-sahariene
I ___! Nigero-congoleze
I ___I Khoisane
1'1 Austroneziene

- •> Calea de răspândire a populaţiei bantu, neconfirmată de datele genetice

**O 1000 km**

**Figura 26.** *Astăzi, moştenirea genetică înrudită cu vest-africanii este predominantă în estul şi sudul Africii datorită răspândirii bantu din ultimii 4 000 de ani.*

A patra mare expansiune a agricultorilor în Africa este asociată cu limbile khoisan din sudul Africii. Asemenea celor două grupuri de limbi vorbite de grupurile de vânător-culegători din sudul Africii – Kx'a şi Tuu limbile khoisan sunt caracterizate prin sunetele „click" (sau clicuri, sunete produse prin blocarea şi eliberarea rapidă a fluxului de aer în cavitatea orală, sunt sunete cu valoare de consoane, n. tr.). în baza cuvintelor comune legate de creşterea vitelor s-a lansat ipoteza că limbile khoisan au fost aduse din Africa de Est de crescătorii de vite care s-au îndreptat spre sudul Africii cam cu 1 800 de ani în urmă şi care este posibil să fi cules şi sunetele clicuri de la populaţiile locale.[27] Datele genetice susţin ipoteza unei contribuţii genetice majore din partea agricultorilor est-africani la populaţiile vorbitoare de khoisan de astăzi. în 2012, Joseph Pickrell, cercetător în laboratorul meu, a arătat că vorbitorii de khoisan împart o cantitate disproporţionat de mare din moştenirea lor genetică cu etiopienii, comparativ cu grupurile Kx'a şi Tuu, aşa cum ar fi fost de aşteptat din partea unei migraţii dinspre nord.[28] Dimensiunea segmentelor de ADN est-african de la unele populaţii vorbitoare de khoisan corespunde unui posibil amestec cu o populaţie fantomă de crescători de vite, care s-ar fi produs cu 1 800 – 900 de ani în urmă, perioadă ce corespunde sosirii păstorilor şi unei întârzieri produse înaintea finalizării amestecului cu populaţiile locale. Printre segmentele care se potrivesc cu est-africanii, Pickrell a găsit segmente chiar şi mai mici care se potrivesc

în mai mare măsură cu genomul celor din Orientul Apropiat decât cu oricare altă populaţie şi care au lungimi corespunzătoare cu ceea ce ar fi de aşteptat în cazul unei încrucişări produse acum circa 3 000 de ani. Aceea este data medie la care s-a produs încrucişarea dintre oamenii cu o moştenire genetică vest- eurasiatică şi cei cu moştenire genetică subsaharianã, la multe grupuri din Etiopia[29], astfel încât descoperirea oferă susţinere suplimentară ipotezei unei surse est-africane.

Prin studiul ADN-ului ancestral, acum această ipoteză s-a verificat. în 2017, Pontus Skoglund a analizat ADN-ul ancestral din rămăşiţele vechi de aproximativ 3 100 de ani ale unui sugar de gen feminin din Tanzania (în Africa de Est ecuatorială) şi dintr-o probă veche de aproximativ 1 200 de ani din regiunea vestică a Capului [Bunei Speranţe] din Africa de Sud, ambele probe fiind îngropate printre artefacte şi oase de animale, fapt care a permis atribuirea lor unor populaţii de crescători de vite.[30] Fata din Tanzania era membră a unei populaţii fantomă de crescători de vite, pe care Pickrell şi cu mine o prezisesem: un grup care-şi trăgea cea mai mare parte a moştenirii sale genetice din vechii vânător-culegători est-africani, iar restul, dintr-o populaţie înrudită cu vest-eurasiaticii ancestrali. în mod aproape sigur, această populaţie a jucat un rol major în răspândirea creşterii vitelor din Orientul Apropiat şi din Africa de Nord, în Africa Subsaharianã. Proba noastră de ADN ancestral provenind de la crescătorul de vite

din sudul Africii susţine, de asemenea, cu putere, această idee, arătând că îşi trage aproximativ o treime din moştenirea genetică dintr-o populaţie de păstori din care făcea parte şi fata din Tanzania, iar restul moştenirii sale genetice provenea din grupurile locale, înrudite cu vânător-culegătorii san de astăzi. Amestecul de moşteniri genetice în cazul păstorului din sudul Africii, care a trăit acum 1 200 de ani, era foarte asemănător cu cel întâlnit la vorbitorii de khoisan de astăzi, dintre care mulţi sunt crescători de vite, fapt care susţine ideea că limbile khoisan timpurii, păstoritul şi acest tip de moştenire genetică est-africană s-au răspândit toate către sudul Africii prin deplasarea oamenilor.

Peisajul diversităţii biologice şi culturale a Africii de astăzi, dominat de efectele expansiunilor agricultorilor din ultimele mii de ani, este extraordinar, dar este în acelaşi timp şi derutant, dacă interesul omului de stiintă este acela de a înţelege imaginea de ansamblu a ceea ce s-a întâmplat. O capcană în care au căzut, în mod repetat, cercetătorii din domeniul geneticii, arheologiei şi lingvisticii africane, este entuziasmul faţă de diversitatea populaţională a Africii de astăzi, ilustrată printr-un diapozitiv cu feţele locuitorilor de pe întreg cuprinsul continentului, care arată foarte diferit unii de alţii, diapozitiv pe care mulţi dintre noi îl folosim atunci când prezentăm Africa. Este tentant de crezut că pentru a înţelege vremurile de demult din Africa trebuie să ţinem cont de toată această diversitate şi să o

explicăm pe toată, dintr-odată. Dar cea mai mare parte a structurii populaţionale actuale a Africii este modelată de expansiunea agriculturii în ultimele câteva mii de ani, astfel încât îndreptarea atenţiei asupra descrierii uimitoarei diversităţi a Africii, în mod paradoxal, aduce Africii un deserviciu la fel de mare ca şi cea asupra originii comune africane a tuturor oamenilor moderni. Trebuie să încetăm să ne concentrăm pe descrierea vălului, ci să-l dăm la o parte, iar pentru a face acest lucru avem nevoie de ADN-ul ancestral.

## RECONSTITUIREA TRECUTULUI DE CĂUTĂTORI AL AFRICANILOR

Cine sunt cei care au trăit în Africa înainte de răspândirea producătorilor de hrană, oamenii care au transformat atât de profund peisajul uman de pe continent? Găsirea unui răspuns la această întrebare este extrem de dificilă, dacă ne bazăm pe tiparele de variaţie de astăzi. în introducerea acestei cărţi, am descris felul în care Luca Cavalli-Sforza a pus un pariu, în anul 1960, că va fi posibilă reconstituirea istoriei profunde a populaţiilor umane pe baza exclusivă a tiparelor de variaţie genetică a grupurilor din prezent.[31] Cu toate astea, a pierdut acest pariu, deoarece ADN-ul ancestral a relevat faptul că au avut loc atât de multe migraţii şi dispariţii de populaţii, încât, în cele mai multe situaţii, este foarte dificil, chiar şi cu metode statistice sofisticate, să se poată recupera detaliile evenimentelor demografice străvechi din urmele lăsate în ADN-ul oamenilor de astăzi.

Inovaţia care face posibilă depăşirea acestui impas nu va fi surprinzătoare pentru cititor.

Este vorba de ADN-ul ancestral la nivel de genom, care poate fi co- analizat împreună cu date de la grupuri care au fost izolate genetic şi cultural în comparaţie cu vecinii lor, printre care pigmeii din Africa Centrală, vânător-culegătorii san din capătul sudic al Africii şi triburile Hadza din Tanzania, ale căror limbi cu clicuri sunt foarte diferite de limbile bantu care le înconjoară şi a căror moştenire genetică este, de asemenea, foarte diferită. Unele dintre aceste populaţii conţin linii genetice înalt divergente faţă de cele ale vecinilor lor. Putem compara datele provenite din aceste probe ancestrale pentru a dovedi evenimente care au avut loc cu mai multă vreme în urmă decât cele care pot fi accesate analizând numai ADN-ul populaţiilor actuale.

Până de curând a fost dificilă obţinerea de ADN ancestral bine conservat din cele mai multe părţi ale Africii, deoarece climatul fierbinte accelerează reacţiile chimice de degradare a materialului biologic. Dar în 2015, revoluţia ADN-ului ancestral a ajuns în sfârşit în Africa datorită sporirii eficienţei tehnicilor de extracţie a ADN-ului si unei mai bune cunoaşteri a oaselor care conţin cea mai mare cantitate de ADN.

Primele date referitoare la ADN-ul ancestral la nivel de genom, din Africa, au provenit de la un schelet vechi de 4 500 de ani, găsit într-o peşteră din zona muntoasă a Etiopiei.[32] Acest individ străvechi era mult mai îndeaproape înrudit cu grupul Ari, care trăieşte în Etiopia de astăzi, decât cu multe alte grupuri. în prezent există un sistem complicat de caste care modelează vieţile

multor oameni din Etiopia, având reguli elaborate de evitare a căsătoriilor între grupuri cu roluri tradiţionale diferite.[33] Ari cuprinde trei subgrupuri – cultivatori, fierari si olari –, care sunt diferenţiate social si genetic între ele şi faţă de grupurile non-Ari.[34] De vreme ce populaţia Ari are o afinitate genetică deosebită cu individul din tinutul muntos vechi de 4 500 de ani, comparativ cu celelalte grupuri etiopiene, este limpede că au existat bariere locale puternice împotriva schimbului de gene şi a omogenizării pe teritoriul Etiopiei de astăzi. Aceste bariere au persistat cel puţin 4 500 de ani. Este cel mai bun exemplu de endogamie drastică pe care îl cunosc – chiar mai vechi decât dovezile de endogamie din India, despre care până acum se ştie că merge înapoi numai până în urmă cu aproximativ 2 000 de ani.[35]

ADN-ul ancestral continuă să ne surprindă. în 2017, Pontus Skoglund a analizat, în laboratorul meu, 16 indivizi din Africa: căutători şi păstori din Africa de Sud, care au trăit într-o perioadă cuprinsă între acum 2 100 şi acum 1 200 de ani; culegători din Malawi, sudul Africii, care au trăit între acum 8 100 şi acum 2 500 de ani; şi culegători, agricultori şi păstori din Tanzania şi Kenya, care au trăit între acum 3 100 şi acum 400 de ani.[36] în vreme ce aceşti indivizi sunt de dată recentă, comparativ cu unele dintre cele mai vechi probe de ADN ancestral eurasiatic, ei oferă, fără doar şi poate, informaţii despre structura populaţională a Africii înainte de sosirea producătorilor de hrană, care au transformat cea mai mare parte a geografiei

umane africane.

O mare surpriză rezultată în urma analizării de către noi a ADN-ului ancestral a fost aceea că a adus dovezi în favoarea existenţei unei populaţii fantomă care a dominat ţărmul estic al Africii Subsahariene si care, în mare parte, pare să fi fost îndepărtată de expansiunea agricultorilor.[37] Această populaţie, pe care am denumit-o „căutători est-africani”, a contribuit la întreaga moştenire genetică a două genomuri de vânător-culegători ancestrali din colecţia noastră de probe din Etiopia şi Kenya, ca şi la aproape întreaga moştenire genetică a grupului Hadza de astăzi, din Tanzania, care, în prezent, numără mai puţin de o mie de indivizi. Am descoperit, de asemenea, că aceşti căutători est- africani erau mai îndeaproape înrudiţi cu non-africanii de astăzi decât cu oricare alt grup din Africa Subsaharianã. Relaţia strânsă cu non-africanii sugerează că strămoşii căutătorilor est-africani erau, probabil, o populaţie în timpul căreia a avut loc tranziţia de la Epoca Mijlocie la Epoca Târzie a Pietrei, tranziţie care a stimulat răspândirea lor în afara Africii şi, probabil, şi în interiorul ei, acum circa 50 000 de ani. Aşadar, populaţia care s-a transformat în căutători est-africani a avut un rol decisiv în istoria noastră.

Căutătorii est-africani nu erau o populaţie omogenă. Acest lucru este evident prin faptul că datele noastre includ cel puţin trei grupuri distincte de căutători est-africani în interiorul Africii – unul întinzându-se în teritoriul care aparţine, astăzi, Etiopiei şi Kenyei, un al doilea contribuind în mare măsură la originea căutătorilor ancestrali din arhipelagul

Zanzibar şi din Malawi şi un al treilea reprezentat de populaţia Hadza de astăzi.[38] Din cauza puţinelor date pe care le deţineam, nu am putut să determinăm data la care aceste grupuri s-au separat unul de celălalt. Dar având în vedere împrăştierea geografică mare şi vechimea ocupaţiei oamenilor din această regiune, nu ar fi de mirare ca unele diferenţe dintre aceste grupuri să aibă vechimi de zeci de mii de ani. Există precedente ale unor asemenea separări în cadrul populaţiilor de căutători de hrană din Africa. în 2012, laboratorul meu şi un altul au arătat că un grup pe care eu îl consider ca fiind cel al „căutătorilor sud-africani” – o filiaţie care este la fel de divergentă de căutătorii est-africani ca şi de oricare populaţie existentă astăzi – con-ţinea în ea două linii foarte divergente care s-au separat cu cel puţin 20 000 de ani în urmă.[39] Africa de Est este un habitat uman cel puţin la fel de bogat ca şi Africa de Sud şi nu ar fi surprinzător ca separarea între căutătorii din Africa de Est să fi fost cel puţin la fel de veche.

O a doua surpriză a fost descoperirea faptului că unele dintre probele provenite de la populaţia noastră ancestrală de căutători africani prezentau o moştenire genetică comună atât cu liniile căutătorilor sud-africani, cât şi cu cele ale căutătorilor est-africani. Astăzi, liniile căutătorilor sud-africani sunt restrânse aproape în totalitate la extremitatea sudică a Africii, unde reprezintă o parte importantă de moştenire genetică pentru aproape toate populaţiile care vorbesc

o limbă cu clicuri şi unde au contribuit aproape în totalitate la ADN-ul populaţiei de căutători san de astăzi, ca şi la genomurile ancestrale ale căutătorilor, pe care le-am obţinut din sudul Africii. Dar probele străvechi pe care le deţinem indică faptul că termenul de „căutători sud-africani" poate induce în eroare cu privire la locul unde a apărut populaţia ancestrală a acestui grup. Doi indivizi cu o vârstă de aproximativ 1 400 de ani, din insulele Zanzibar şi Pemba, din largul coastelor Tanzaniei – un lanţ de insule care s-a separat de continent cu aproximativ 10 000 de ani în urmă, odată cu creşterea nivelului mării, şi astfel adăpostind, probabil, descendenţi izolaţi ai unei populaţii de căutători care au trăit, pe atunci, în Africa de Est[40] – prezentau un amestec de aproximativ o treime material genetic înrudit cu cel al căutătorilor sud-africani, iar restul înrudit cu cel al căutătorilor est-africani.[41] 0 serie de şapte probe din trei situri arheologice diferite din Malawi, sudul Africii Centrale, pe care le-am datat ca având o vechime cuprinsă între 8 100 şi 2 500 de ani, făceau parte dintr-o populaţie omogenă care deţinea aproximativ două treimi din ADN înrudit cu căutătorii sud-africani si restul cu cei est-africani. Aşadar, zestrea genetică a căutătorilor sud-africani era distribuită, în trecut, pe o porţiune mult mai largă a continentului, ceea ce face dificilă stabilirea originii acestei populaţii ancestrale.

ADN-ul ancestral ne arată că istoria Africii moderne îşi are rădăcinile în separări şi amestecuri dintre populaţii ancestrale, chiar dinainte de sosirea agriculturii. Prin urmare,

istoria populaţiilor din
Africa este complexă la toate nivelurile şi în toate timpurile, aşa cum este de aşteptat de la un continent cu asemenea dimensiuni uriaşe, cu reliefuri variate si cu o vechime atât de mare a prezenţei speciei noastre acolo. Revoluţia ADN-ului ancestral nu a apucat să pună decât un deget în Africa. în anii următori, Africa va fi pe deplin inclusă în revoluţia ADN-ului ancestral, iar datele vor proveni din rămăşiţe descoperite în mai multe locaţii şi cu o vârstă mai mare. Aceste date vor transforma, cu siguranţă, tabloul şi ne vor limpezi ideile despre ce anume s-a întâmplat în trecutul îndepărtat al Africii.

## CE URMEAZĂ PENTRU ÎNŢELEGEREA POVESTII y t AFRICANE

Unele dintre cele mai şocante exemple ale complexităţii structurii populaţiei umane din Africa sunt tiparele selecţiei naturale de pe acest continent. Oamenii de astăzi, cu o moştenire genetică vest- africană, au o rată crescută de boli falciforme (siclemii, n. tr.) provocate de o mutaţie care modifică proteina hemoglobină din sânge, molecula care, mai mult decât oricare altele, este răspunzătoare de transportul oxigenului în organism. în anumite zone din Africa, această mutaţie a ajuns la frecvenţe mari sub presiunea selecţiei naturale: în vestul îndepărtat (de exemplu, în Senegal), în vestul Africii Centrale (de exemplu, în Nigeria) şi în Africa Centrală (de unde mutaţia s-a răspândit spre estul şi sudul Africii în urma migraţiilor

asociate cu răspândirea bantu). Motivul pentru care această mutaţie a ajuns la frecvenţe atât de mari, în fiecare dintre aceste populaţii, este acela că, dacă o persoană este purtătoare a unei copii a acestei mutaţii, de la oricare dintre părinţii săi, aceasta o protejează împotriva malariei. Malaria este atât de periculoasă, încât protecţia oferită la aproximativ 20% din populaţia care deţine o copie a acestei mutaţii a hematiilor în formă de seceră este scutită, în termeni evoluţionişti, de costul pe care aproximativ 1% din populaţie trebuie să-l plătească deţinând două copii ale mutaţiei şi suferind de siclemie care, fără tratament, este letală în copilărie. în mod curios, mutaţia a apărut în mod independent în fiecare dintre cele trei locaţii din Africa, lucru pe care-l cunoaştem din faptul că secvenţele de ADN pe care este localizată sunt diferite. Dintr-o perspectivă naivă, acest lucru pare surprinzător, deoarece ne-am putea gândi că o mutaţie ca aceasta ar fi atât de avantajoasă pentru persoanele care o deţin, încât odată apărută s-ar răspândi în jurul zonei puternic afectată de malarie din Africa, propulsată de o undă a selecţiei naturale, chiar dacă ar fi existat o rată scăzută de amestec între vecini.[42] Un tipar asemănător se observă şi în cazul mutaţiilor de la nivelul genei lactazei, care oferă capacitatea de a digera laptele de vacă la o vârstă adultă. Bazele genetice ale persistenţei lactazei sunt complet diferite la nord-africani şi la Fulanii din vestul Africii, comparativ cu Maasai din Sudan şi Kenya, care au o mutaţie diferită, chiar dacă

afectează aceeaşi genă.[43]

# Structura populaţiei pre-bantu din estul Africii

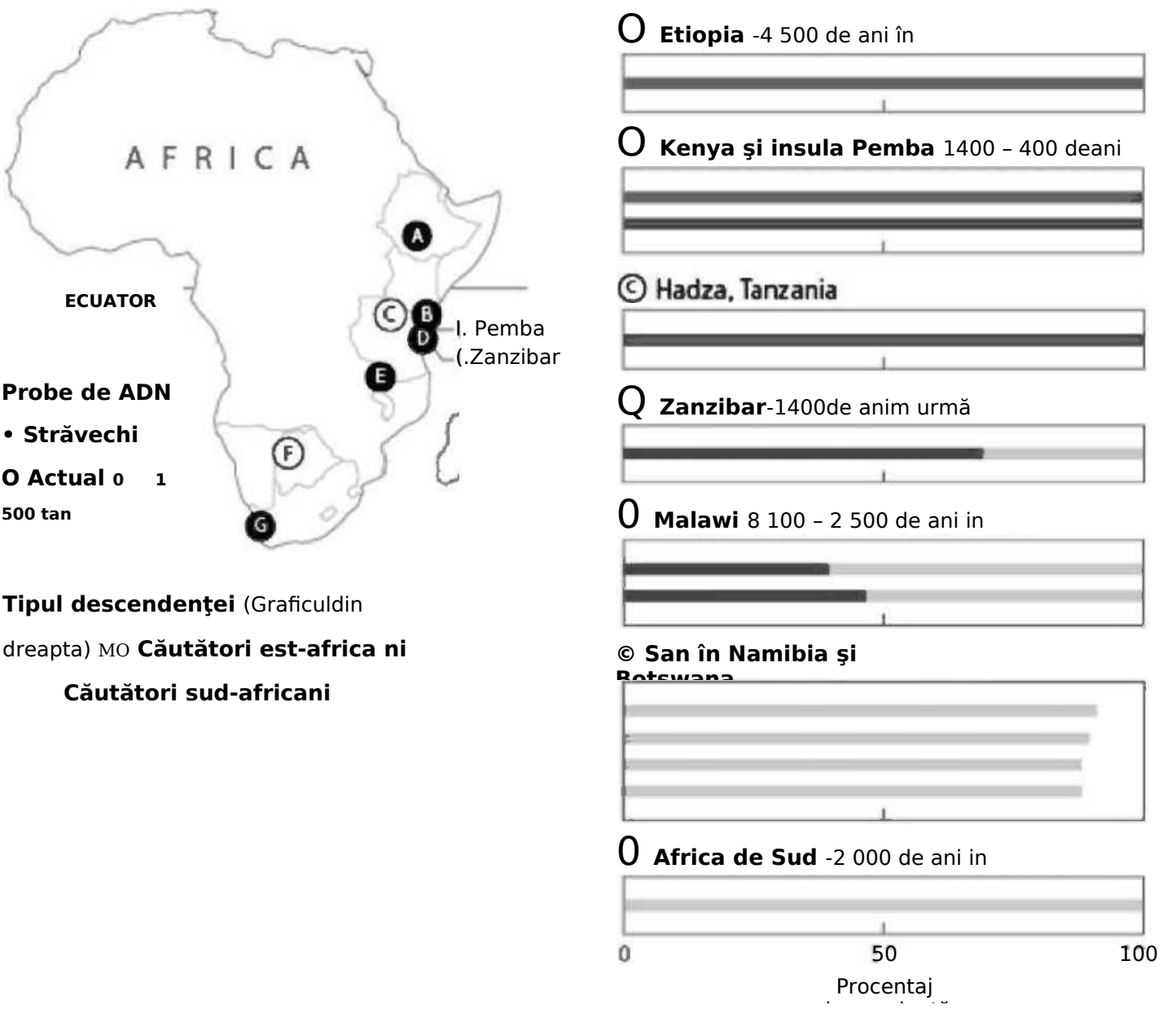



**Figura 27.** *Descendenţa restrânsă astăzi la populaţia de vânător-cu- legători san din sudul Africii (F) era cândva răspândită in partea* **estică** *a Africii, cel puţin până în Tanzania. Descendenţa restrânsă în prezent la vânător-culegătorii Hadza din Tanzania (C) a fost şi ea răspândită odinioară.*

După cum au arătat Peter Ralph şi Graham Coop, originile multiple ale mutaţiilor falciforme în Africa şi ale mutaţiilor care permit adulţilor să digere laptele de vacă implică faptul că rata migraţiilor între aceste populaţii – chiar şi în părţi ale Africii Subsahariene, situate la mai puţin de 2 000 de kilometri distanţă una de alta – a fost extrem de redusă, de vreme ce a fost nevoie să apară aceste mutaţii. Drept urmare, cel mai eficient mod prin care forţele evoluţioniste au putut răspândi mutaţiile folositoare a fost, deseori, acela de a inventa mai curând mutaţii noi, decât de a le importa de la alte populaţii.[44] Rata limitată a migraţiilor între anumite regiuni din Africa, în ultimele câteva mii de ani, a avut drept rezultat ceea ce Ralph şi Coop au denumit un tipar „mozaicat” al structurii populaţiei din Africa. Mozaicarea este un termen matematic

pentru un peisaj cu dale – regiuni omogene genetic, separate de graniţe bine definite – care este de aşteptat să se producă atunci când procesul de omogenizare datorat schimbului de gene între vecini concurează cu procesul de generare de variaţii noi, avantajoase în fiecare regiune. Dimensiunile regiunilor unde apare acelaşi tip de mutaţie pentru siclemie sau pentru persistenţa lactazei reflectă rata schimbului genetic între populaţii învecinate din Africa, în ultimele mii de ani.

înţelegerea istoriei populaţiei africane este încă la începuturi, dar este deja clar că vorbim despre o poveste complicată, cu separări între descendenţe majore, cum ar fi cea dintre căutătorii est-africani şi căutătorii sud-africani, care datează de foarte multă vreme, şi cu straturi de amestecuri care le depăşesc pe cele mai recente, apărute ca

urmare a răspândirii agriculturii. în cele din urmă, când vom obţine mai multe probe de ADN ancestral din Africa, vom fi capabili să înţelegem amploarea variaţiei umane de pe acest continent din ultimele zeci de mii de ani şi să realizăm o reconstituire semnificativă a structurii populaţiei.

Lucrul de care putem fi deja siguri este că, în Africa, precum şi în oricare altă regiune unde s-a descoperit ADN ancestral, modelul unui arbore evoluţionist în care populaţiile umane de astăzi au rămas neschimbate şi separate din momentul în care s-au ramificat din trunchi nu mai este valabil şi că, în schimb, adevărul a implicat mari cicluri de separări şi amestecuri ale populaţiei. Mai putem, de asemenea, să fim siguri de faptul că, în Africa, la fel ca şi în oricare altă regiune a lumii care a oferit ADN uman ancestral, datele vor contrazice multe dintre

presupunerile existente astăzi. Implicaţiile acestei complexităţi pentru societate şi pentru modul în care trebuie să regândim cine suntem reprezintă tema părţii a III-a a acestei cărţi.

# CAPITOLUL 10

# GENOMICA INEGALITĂŢILOR

## MARELE AMESTEC

Amestecul genetic american a început aproape imediat ce a ajuns acolo Cristofor Columb, în 1492. Coloniştii europeni, sclavii lor africani şi indigenii americani proveneau din populaţii ai căror strămoşi fuseseră izolaţi unii de alţii timp de zeci de mii de ani. în decurs de câţiva ani de când s-au întâlnit, au început să se amestece şi să fondeze noi populaţii care astăzi numără sute de milioane de indivizi.

Martin Cortes „el Mestizo” (Metisul) aparţinea uneia dintre primele populaţii de acest fel. S-a născut cam la patru ani după începerea campaniei militare din 1519, în care tatăl său, Hernăn Cortes, conducând doar 500 de soldaţi, a înfrânt Imperiul Aztec care domina Mexicul. Mama sa, „La Malinche”, a fost una dintre cele douăzeci de femei prizoniere aztece ale spaniolilor şi a servit, la început, drept interpretă, înainte de a deveni amanta lui Hernăn Cortes. Spaniolii au inventat repede un cuvânt pentru oamenii rezultaţi în urma combinării dintre europeni şi nativii americani. Cuvântul „mestizo" provine din cuvântul spaniol *mestizaje* care înseamnă hibridizare – amestecarea diferitelor tipuri „rasiale”. Pentru a-şi menţine statutul în

ierarhia socială, spaniolii şi portughezii au înfiinţat un sistem de *caste* în care persoanele de origine complet europeană (mai ales cei care s-au născut în Europa), aveau rangul cel mai înalt, în timp ce aceia care aveau ceva moştenire non- europeană aveau un rang inferior. Acest sistem s-a prăbuşit sub inevitabilitatea demografică a amestecului; în numai câteva secole, oamenii cu o moştenire genetică complet europeană fie reprezentau o minoritate extremă, fie dispăruseră şi nu mai era fezabil ca puterea să le aparţină doar acelor indivizi cu descendenţă în întregime europeană. După mişcările de independenţă din secolul al XIX-lea şi începutul secolului XX, originea mixtă a devenit un motiv de mândrie în America de Sud si America Centrală. în Mexic, ea defineşte identitatea naţională.[1]

Migraţia africană în Americi, după anul 1492, a avut loc la o scală asemănătoare cu cea europeană. Aproximativ 12 000 000 de sclavi africani au fost forţaţi să facă această călătorie, înghesuiţi în calele corăbiilor, înainte de a fi vânduţi prin licitaţie.[2] Negustorii de sclavi din Spania, Portugalia, Franţa, Anglia şi Statele Unite au făcut mari averi satisfăcând nevoia de mână de lucru a coloniştilor. Sclavii africani lucrau în minele de argint din Peru şi Mexic şi cultivau plante precum trestia de zahăr şi, mai târziu, tutunul şi bumbacul. Africanii erau mai puţin afectaţi de bolile din Lumea Veche decât erau nativii americani şi mai uşor de exploatat decât indigenii, deoarece se aflau la mare depărtare de casă şi erau împrăştiaţi într-o populaţie care nu le cunoştea limba. Lipsiţi de punctele

lor culturale de referinţă, sclavii aveau o capacitate scăzută de a se organiza sau de a se opune. Mulţi au fost vânduţi în America de Sud sau în Caraibe, unde erau deseori exploataţi până la moarte. în jur de 5-10% dintre ei au fost aduşi în teritoriul viitoarelor Statele Unite. După prima vânzare de sclavi de către negustorii portughezi, înregistrată în 1526, rata importului în
Lumea Nouă a crescut, atingând un platou cu o valoare de aproximativ 75 000 de oameni pe an, până când comerţul transatlantic cu sclavi a fost interzis – în coloniile britanice, în 1807, în Statele Unite, în 1808 şi în Brazilia, în 1850.

Astăzi, în Americi, există sute de milioane de oameni cu o obârşie africană, efectivele cele mai mari găsindu-se în Brazilia, Caraibe şi Statele Unite, în Americi, amestecul celor trei populaţii foarte diferite – europenii, indigenii americani şi africanii subsaharieni –, care a început acum aproape 500 de ani, continuă si astăzi. Chiar si în Statele Unite, unde americanii europeni încă reprezintă o majoritate, afro-americanii şi hispanicii reprezintă circa o treime din populaţie. Aproape toţi indivizii din aceste populaţii amestecate au segmente largi din genomul lor provenite de la strămoşi care au trăit pe continente diferite acum mai puţin de 20 de generaţii. Un mic procent dintre americanii europeni au şi segmente lungi de ADN provenit de la africani sau de la nativii americani, moştenire din partea unor oameni care s-au „infiltrat” în albii majoritari.[3]

într-un roman de ficţiune din anul 1973, *Race Against Time,* Piers Anthony îşi imagina

un viitor în care amestecul de populaţii iniţiat de colonialismul european ajunge la inevitabil său sfârşit, iar în jurul anului 2300 aproape toţi oamenii aparţin unei populaţii „standard”[4]. în acel an, rămăseseră numai şase oameni puri: o pereche de „caucazieni pursânge”, o pereche de „africani pursânge” şi o pereche de „chinezi pursânge”. Aceste exemplare „pursânge” sunt crescute de părinţi adoptivi, într-o grădină zoologică umană, şi sunt lăsaţi să se împerecheze numai cu partenerul de acelaşi fel, pentru a păstra diversitatea umană, o diversitate care este privită, prin prisma populaţiei „standard”, ca o resursă cu o valoare biologică de neînlocuit, pe cale de dispariţie. Ideea acestui roman este că, în secolele care au urmat anului 1492, a avut loc o omogenizare unică în istoria speciei noastre, o perioadă de amestecuri fără precedent între populaţii anterior separate, care a fost prilejuită de traversarea oceanului, eveniment care a adus la un loc grupuri ai căror strămoşi nu s-au aflat în contact timp de zeci sau sute de mii de ani.

Numai că această idee este greşită. Revoluţia genomului a arătat că nu trăim în timpuri fundamental diferite, atunci când privim lucrurile din perspectiva unei incursiuni profunde în trecut. Amestecuri de grupuri foarte diferite s-au petrecut din nou şi din nou, omogenizând populaţii la fel de divergente una de alta precum sunt europenii, africanii si nativii americani. Si, în multe dintre aceste mari amestecuri, tema centrală a fost aceea a cuplării bărbaţilor cu putere socială dintr-o populaţie cu femeile dintr-o altă

populaţie.

## PĂRINŢII FONDATORI

La scurtă vreme după Convenţia Constituţională din 1787, Thomas Jefferson, omul care urma să devină al treilea preşedinte al Statelor Unite, a început o relaţie intimă cu sclava sa, Sally Hemings. Jefferson deţinea o mare plantaţie în statul Virginia, unde aproximativ 40% din populaţie erau sclavi.[5] Sally Hemings era o sclavă afro-americană care avusese trei bunici europeni. Dar mama mamei sale fusese o sclavă de origine africană, iar după legea din Virginia, statutul de sclav era moştenit pe linie maternă. Jefferson şi Hemings au avut împreună şase copii.[6]

Relaţia dintre Jefferson şi Hemings a fost negată de unii, care au sugerat că Jefferson – cel mai mare gânditor iluminist al Americii şi autorul Declaraţiei de Independenţă a Statelor Unite – nu ar fi susţinut o familie ilegitimă. Cu toate acestea, un studiu publicat în 1998 a evidenţiat o potrivire a cromozomului Y provenit de la urmaşii, pe linie masculină, ai lui Eston Hemings Jefferson, cel mai tânăr fiu al lui Sally Hemings, şi urmaşii, pe linie masculină, ai unui unchi patern al lui Jefferson.[7] Teoretic, descoperirea genetică ar fi putut fi explicată dacă o rudă pe linie bărbătească a lui Jefferson ar fi fost tatăl, iar nu însuşi Jefferson. Dar nu există dovezi istorice în favoarea acestei posibilităţi, în vreme ce există informaţii credibile în legătură cu relaţiile dintre Hemings şi

Jefferson, provenite de la Madison Hemings, un alt fiu al femeii. Un studiu întreprins de fundaţia Thomas Jefferson Memorial, din anul 2000, a conchis că povestea era foarte probabil adevărată.[8]

Conform informaţiilor provenite de la Madison Hemings, mama sa a avut şansa de a-şi câştiga libertatea, deoarece l-a însoţit pe Jefferson în Franţa, unde sclavia era ilegală, dar a fost de acord să se reîntoarcă în Statele Unite, în calitate de sclavă, împreună cu Jefferson, cu condiţia ca, într-un final, copiii lor să fie eliberaţi. Hemings era cu 30 de ani mai tânără decât Jefferson, iar în Franţa, unde a început relaţia lor, pe când avea 14 – 16 ani, era dependentă de el. Ea era, de asemenea, soră vitregă cu soţia lui Jefferson, Martha Randolph, care murise cu câţiva ani înainte, din cauza unor complicaţii postpartum, şi al cărei tată avusese o relaţie secretă cu mama lui Sally Hemings.[9]

Istoricii au încercat să cuantifice cât de răspândite erau familiile de acest fel în Statele Unite. Uniunile între indivizi cu origini amestecate nu erau, de multe ori, înregistrate, iar atunci când se înregistrau, copiii erau catalogaţi în moduri diferite, în state diferite. Genetica poate ajuta în acest domeniu. Cu toate că, până acum, nimeni nu a analizat ADN-ul din cimitirele afro-americane, pentru a stabili apariţia, în Statele Unite, a unei comunităţi cu o moştenire amestecată, studiile genetice asupra populaţiei afro- americane de astăzi, din Statelor Unite, îmbogăţesc deja cunoaşterea noastră. în 2001, Mark Shriver a condus un

studiu care analiza mutaţiile extrem de diferite ca frecvenţă între europenii şi vest-africanii de astăzi, pentru a explora populaţia afro-americană din Carolina de Sud. Shriver şi colegii lui au folosit aceste rezultate pentru a estima proporţia de strămoşi care au trăit în Europa, cu aproximativ 20 de generaţii în urmă.[10] Cea mai mare proporţie, în jur de 18%, se găseşte în capitala statului, Columbia, unul dintre oraşele din Statele Unite cu cel mai scăzut procent de moştenire europeană. Ei au estimat că, în lungul coastei Carolinei de Sud, se atinge o proporţie de moştenire genetică de origine europeană de aproximativ 12%, inclusiv în oraşul- port de sclavi Charleston, ceea ce ar putea reflecta valurile de importuri de sclavi, care au dus la menţinerea unei moşteniri africane ridicate. Autorii [J] [*] au estimat că cea mai mică proporţie de origine genetică europeană, de aproximativ 4%, se întâlneşte în Sea Islands din largul coastei Carolinei de Sud şi a Georgiei, lucru care reflectă istoria izolării sclavilor care s-au stabilit acolo, izolare atestată şi de faptul că locuitorii de acolo sunt singurii afro-americani care încă mai vorbesc o limbă gullah, cu o gramatică de origine africană. Compararea tipurilor de cromozomi Y şi de ADN mitocondrial, care sunt foarte diferite în privinţa frecvenţei între afro-americani şi europeni, indică, de asemenea, că majoritatea moştenirii genetice europene din aceste populaţii provine de la bărbaţi, ca urmare a inegalităţilor sociale reflectate de faptul că încrucişarea se realiza în cea mai mare parte

între bărbaţi liberi şi femei sclave.[11]

Tiparele din Carolina de Sud reprezintă un microcosmos al celor din Statele Unite luate în întregul lor. Katarzyna Bryc, de la compania de testare a genealogiei personale 23andMe, a lucrat împreună cu mine pentru analizarea a peste 5 000 de indivizi autodeclaraţi ca fiind afro-americani, din bazele de date ale companiei, şi am găsit că proporţia medie de moştenire genetică europeană este de 27% la nivelul întregului genom, dar numai de 23% la nivelul cromozomului X.[12] Compararea proporţiei de moştenire genetică din cromozomul X şi din ceilalţi cromozomi poate oferi informaţii despre diferenţele dintre comportamentul masculin şi cel feminin în cursul amestecului populaţiei, deoarece două treimi dintre cromozomii X din lume sunt purtaţi de femei, comparativ cu numai aproximativ jumătate din ceilalţi cromozomi, astfel încât cromozomul X este relativ mai influenţat de istoria femeilor. Calculând proporţia de strămoşi europeni masculi şi femele care ar fi necesară pentru a produce diferenţa observată, în privinţa moştenirii genetice europene, conţinută de cromozomul X şi de autozomi, Bryc a reuşit să facă o estimare separată a proporţiei de strămoşi europeni, la afro-americani, ca fiind de 38% (masculi) şi 10% (femele). Aceste valori reflectă faptul că participarea bărbaţilor americani europeni la alcătuirea populaţiei de afro-americani de astăzi, este de patru ori mai mare decât contribuţia femeilor americane europene. Când am discutat aceste date cu sociologul Orlando Patterson, el a subliniat că

fracţiunea de moştenire genetică europeană din genomul afro-americanilor care provine de la bărbaţi – şi care, dacă este diferită de jumătate, se numeşte „discriminare sexuală” – trebuie să fi fost cu mult mai mare în vremea sclaviei. De la apariţia mişcărilor pentru drepturi civile din Statele Unite, de la mijlocul secolului XX, schimbările culturale au provocat o inversare a discriminării sexuale, cu mai multe cuplări între bărbaţi negri şi femei albe. Dacă am face studii ADN pe scheletele afro-americanilor de acum o sută de ani, există toate motivele să ne aşteptăm la reflectarea si mai accentuată a discriminărilor sexuale.

Tiparele genetice sugerează că modelul Thomas Jefferson – Sally Hemings s-a repetat de nenumărate ori şi la alte cupluri. În timp ce aceasta este o poveste cunoscută, deoarece s-a petrecut în trecutul nu foarte îndepărtat şi a implicat persoane faimoase, există toate motivele să considerăm că discriminările sexuale au jucat un rol central în istoria speciei noastre. Revoluţia genomului poate măsura prejudecăţile sexuale datând din perioade despre care nu avem alte informaţii, ajutându-ne astfel să înţelegem felul în care inegalităţile ar fi putut modela omenirea din cele mai vechi timpuri.

## SEMNĂTURA GENOMICĂ A INEGALITĂŢII

La oameni, diferenţele biologice profunde care exisă între sexe înseamnă că un singur bărbat este capabil, fizic, să aibă cu mult mai mulţi copii decât o singură femeie. Femeile poartă sarcina timp de nouă luni şi deseori îşi

alăptează copilul câţiva ani, înainte de a avea un alt copil.[13] în acelaşi timp, bărbaţii sunt capabili de procreare, investind mult mai puţin timp în creşterea fiecărui copil, o diferenţă biologică ale cărei efecte sunt amplificate de factori sociali precum faptul că, în multe societăţi, bărbaţii petrec puţin timp cu copiii lor. Aşa se face că, măsurat prin contribuţia la viitoarea generaţie, bărbaţii puternici au potenţialul de a avea un impact cu mult mai mare în genomul populaţiei, decât femeile puternice, iar aceste lucruri se reflectă în datele genetice.

Marea variabilitate a bărbaţilor în ceea ce priveşte numărul de urmaşi produşi înseamnă că, prin depistarea semnăturilor genomice ale variabilităţii din trecut în privinţa numărului de copii pe care i-au avut bărbaţii, putem obţine informaţii genetice asupra gradului de inegalitate socială din societate, luată în ansamblul ei, şi nu numai între bărbaţi şi femei. Un exemplu extraordinar în acest sens este oferit de inegalitatea în privinţa numărului de copii masculi, care pare să fi caracterizat imperiul întemeiat de Ginghis Han, care a domnit peste teritorii întinse între China şi Marea Caspică. După moartea sa, în 1227, urmaşii săi, incluzând numeroşi fii şi nepoţi, au extins Imperiul Mongol şi mai mult – către Coreea în est, până în Europa Centrală, către vest, şi până în Tibet, către sud. Mongolii ţineau cai odihniţi, în posturi stabilite strategic, pentru a asigura comunicarea rapidă în lungul a peste 8 000 de kilometri, cât măsura teritoriul lor. Imperiul Mongol unit a avut o viaţă scurtă – de exemplu, dinastia Yuan pe care au întemeiat-o

în China a căzut în 1368 –, dar creşterea puterii lor le-a permis, fără îndoială, să aibă un impact genetic extraordinar asupra Eurasiei.[14]

Un studiu din 2003, condus de Christopher Tyler- Smith, a demonstrat cum un număr relativ mic de bărbaţi puternici, care au trăit în timpul Imperiului Mongol, au reuşit să aibă un impact incomensurabil asupra a miliarde de oameni care trăiesc astăzi în estul Eurasiei.[15] Studiul său asupra cromozomilor Y a sugerat că un singur mascul care a trăit în acele
timpuri a lăsat multe milioane de descendenţi direcţi pe linie masculină în teritoriul ocupat de mongoli. Dovadă este faptul că aproximativ 8% dintre bărbaţii din teritoriile care au fost ocupate cândva de Imperiul Mongol împărtăşesc o secvenţă caracteristică a cromozomului Y sau una diferită de aceasta cu numai câteva mutaţii. Tyler-Smith şi colegii săi au numit asta „grupuri în formă de stea” pentru a reflecta ideea unui singur strămoş cu mulţi urmaşi si au estimat data la care a trăit fondatorul y y
acestei linii ca fiind între acum 1 300 şi 700 de ani, pe baza ratei estimate de acumulare a mutaţiilor de pe cromozomul Y. Data coincide cu perioada lui Ginghis Han, sugerând că acest unic cromozom Y de succes sar putea să-i fi aparţinut chiar lui.

Grupurile în formă de stea nu sunt limitate la Asia. Geneticianul Daniel Bradley şi colegii săi au identificat un tip de cro-mozom Y care este prezent la 2-3 milioane de oameni de astăzi şi provine dintr-un strămoş care a trăit

acum aproximativ 1 500 de ani.[16] Este foarte comun printre persoanele al căror nume de familie este O'Donnell si care descind din una dintre cele mai puternice familii regale ale Irlandei medievale, „Urmaşii lui Niall" – referindu-se la „Niall al celor nouă ostatici", un lider militar legendar din cea mai timpurie perioadă a istoriei medievale irlandeze. Dacă Niall chiar a existat, el trebuie să fi trăit la momentul oportun pentru a se potrivi cu cromozomul Y ancestral.

Grupurile în formă de stea captivează imaginaţia deoarece pot fi legate, deşi numai la un mod speculativ, de diferite figuri istorice. Dar lucrul cel mai important este că analiza acestor grupuri în formă de stea a oferit noi perspective cu privire la schimbările din structura socială, care au apărut cu multă vreme în urmă şi despre care este greu să obţinem informaţii pe alte căi. Aceasta este deci o arie în care analizele asupra cromozomului Y şi ADN- ului mitocondrial pot fi instructive, chiar şi în lipsa unor date la nivel de genom. De exemplu, o eternă dezbatere între istorici este măsura în care trecutul omenirii este modelat de anumiti indivizi ale căror acţiuni au avut un impact disproporţionat de mare asupra generaţiilor ulterioare. Analiza grupurilor în formă de stea oferă informaţii obiective despre importanţa inegalităţilor extreme de putere, în diferite momente din trecut.

Două studii, unul condus de Toomas Kivisild şi celălalt – de Mark Stoneking, au comparat rezultatele analizei secvenţelor de pe cromozomul Y şi a secvenţelor din ADN-ul

mitocondrial, de la grupurile în formă de stea, ajungând la un rezultat extraordinar.[17] Contabilizând numărul de diferente pentru fiecare literă ADN dintre perechile de secvenţe, care reflectă mutaţii acumulate în timp, aceste studii au estimat timpul care a trecut de când diferitele perechi de indivizi au împărtăşit un strămoş comun, pe linia integral masculină (cromozomul Y) sau integral feminină (ADN-ul mitocondrial).

în cazul datelor referitoare la ADN-ul mitocondrial, toate studiile au găsit că cele mai multe cupluri care trăiesc astăzi au o probabilitate foarte scăzută de a împărtăşi un strămoş comun în cursul întregii lor linii feminine, din ultimii 10 000 de ani, o perioadă care depăşeşte tranziţia la agricultură în multe părţi ale lumii. Este exact lucrul la care ne-am fi aşteptat dacă populaţiile erau de mari dimensiuni în toată această perioadă. Dar în ceea ce priveşte cromozomul Y, studiile au găsit un tipar şocant de diferit. La est-asiatici, europeni, locuitorii din Orientul Apropiat şi nord-africani, autorii au găsit multe grupuri în formă de stea cu strămoşi masculi comuni care au trăit acum aproximativ 5 000 de ani.[18]

Perioada de acum aproximativ 5 000 de ani coincide cu peri-oada din Eurasia pe care arheologul Andrew Sherratt a numit-o „Revoluţia produselor secundare”, în cursul căreia oamenii au început să găsească numeroase alte utilizări pentru animalele domestice, dincolo de producţia de carne, incluzând folosirea lor la trasul carelor şi al plugurilor şi producerea de lactate şi de îmbrăcăminte din produse precum lâna.[19] Acest lucru s-a petrecut, de asemenea, la

începutul Epocii Bronzului, o perioadă caracterizată de creşterea semnificativă a mobilităţii J *
oamenilor şi acumularea de bogăţii, facilitată de domesticirea calului, invenţia roţii şi a vehiculelor pe roţi şi acumularea de metale rare precum cuprul şi cositorul, care sunt ingredientele necesare obţinerii bronzului şi care trebuiau să fie importate de la distanţe de sute, uneori chiar de mii de kilometri. Tiparele cromozomului Y arată, de asemenea, că aceasta a fost o perioadă de creştere a inegalităţilor, o reflexie genetică a unei concentrări fără precedent a puterii în mâna unei fracţiuni foarte mici din populaţie, lucru care a fost posibil din cauza noii economii. Bărbaţii puternici din această perioadă au avut un impact extraordinar asupra populaţiilor care le-au urmat – mai mult decât în oricare altă perioadă anterioară –, unii dintre ei lăsându-şi moştenire ADN-ul mai multor descendenţi decât Ginghis Han.

Din studiile ADN-ului ancestral combinate cu arheologia, am început să construim o imagine a ceea ce ar fi putut însemna această inegalitate. Perioada de acum aproximativ 5 000 de ani, de la nord de Marea Neagră şi Marea Caspică, corespunde cu ascensiunea culturii Yamnaya, care, după cum am discutat în partea a Il-a a cărţii, a profitat de cai şi de roţi pentru a exploata pentru prima oară resursele stepei.[20] Datele genetice arată că populaţia Yamnaya si urmaşii ei au avut extrem de mult succes, împingându-i masiv pe agricultorii din nordul Europei către vest şi pe vânător-culegătorii din Asia Centrală către

est.[21]

Arheologul Marija Gimbutas a afirmat că societatea Yamnaya a fost nemaipomenit de stratificată şi de părtinitoare sexual. Yamnaya a lăsat în urmă movile mari, aproximativ 80% dintre ele având în mijloc schelete de bărbaţi, care purtau adesea răni provocate de acte de violenţă şi care erau îngropaţi împreună cu pumnale şi topoare impresionante, din metal.[22] Gimbutas susţinea că sosirea Yamnaya în Europa a marcat o răsturnare a relaţiilor de putere între sexe. Momentul a coincis cu declinul „Bătrânei Europe” care, după Gimbutas, era o societate cu puţine manifestări violente şi în care femeile jucau un rol social central, după cum reiese din figurinele înfăţişând-o pe Venus, omniprezente în Europa. în reconstrucţia sa, „Bătrâna Europă” a fost înlocuită de o societate centrată pe bărbaţi, fapt evident nu numai din datele arheologice, dar şi din mitologiile centrate pe bărbaţi din culturile grecească, norvegiană şi hindusă, care au fost răspândite, probabil, de populaţia Yamnaya.[23]

Orice încercare de a schiţa o imagine vie a modului în care arăta o cultură, înaintea perioadei textelor scrise, trebuie privită cu precauţii. Cu toate acestea, datele ADN-ului ancestral au oferit dovezi că
Yamnaya a fost cu adevărat o societate în care puterea era concentrată în mâna unui mic număr de bărbaţi din elita societăţii. Cromozomii Y pe care-i purtau Yamnaya aparţineau aproape toţi unui număr mic de tipuri, ceea ce arată că un număr limitat de bărbaţi trebuie să fi avut extraordinar de mult

succes *
în răspândirea genelor lor. în schimb, în ADN-ul lor mitocondrial, Yamnaya aveau secvenţe mult mai diverse.[24] Urmaşii Yamnaya sau rudele lor apropiate şi-au răspândit cromozomii Y în Europa şi India, iar impactul demografic al acestei expansiuni a fost profund, având în vedere că tipurile de cromozom Y pe care le purtau erau absente atât în Europa, cât şi în India, înaintea Epocii Bronzului, dar sunt predominante astăzi în ambele locuri.[25]

De asemenea, această expansiune Yamnaya nu este posibil să se fi petrecut, pe de-a-ntregul, într-un mod prietenos, lucru care reiese clar din proporţia de cromozomi Y cu originea în stepă, atât din vestul Europei[26], cât şi din India[27] de astăzi, care este mult mai mare decât proporţia de moştenire genetică originară din stepă în restul genomului. Preponderenţa strămoşilor masculi proveniţi din stepă sugerează faptul că urmaşii populaţiei Yamnaya, care deţineau putere politică sau socială, au avut mai mult succes în competiţia locală pentru găsirea unei partenere, decât bărbaţii din grupurile locale. Cel mai şocant exemplu pe care-l cunosc este cel din Iberia, în sud-vestul îndepărtat al Europei, unde strămoşii proveniţi din populaţia Yamnaya au sosit la începutul Epocii Bronzului, acum 4 500 – 4 000 de ani. în cadrul laboratorului lui Daniel Bradley şi în al meu, am obţinut, în mod independent, ADN ancestral de la indivizi din acea perioadă.[28] Am descoperit că aproximativ 30% din populaţia iberică a fost înlocuită odată cu sosirea

populaţiilor din stepă. Dar înlocuirea cromozomului Y a fost cu mult mai dramatică: din datele noastre, în jur de 90% dintre masculii care au descendenţă Yamnaya au un tip de cromozom Y de origine stepică, tip care era absent în Iberia, înainte de această perioadă. Este limpede că au existat ierarhii şi dezechilibre extraordinare în privinţa puterii, în acţiune în cursul expansiunii din stepă.

Studiile grupurilor în formă de stea se bazează pe cromozomul Y şi pe ADN-ul mitocondrial. Dar ce poate aduce în plus analiza la nivel de genom? Atunci când sunt folosite date la nivel de genom, pentru reconstituirea dimensiunii populaţiei ancestrale a celor mai multe grupuri de agricultori, din ultimii 10 000 de ani, acestea certifică o creştere a populaţiei în acea perioadă, fără evidenţierea vreunor gâtuiri populaţionale în cursul Epocii Bronzului, de felul celor detectate de studiul cromozomilor Y.[29] Acesta nu este rezultatul la care ne-am aştepta în urma evaluării medii a datelor referitoare la ADN-ul mitocondrial si cromozomii Y. De fapt, reiese că acest cromozom Y era o parte nereprezentativă a genomului în locurile unde anumite tipuri genetice au avut mai mult succes decât altele în transmiterea caracteristicilor lor către generaţii ulterioare. în principiu, o posibilă explicaţie a acestei constatări poate fi selecţia naturală, prin care unii cromozomi Y au oferit avantaje biologice, cum ar fi o fertilitate mai crescută, purtătorilor lor. Dar faptul că acest tipar genetic s-a manifestat în jurul aceleiaşi date, în multiple locuri din lume – într- o

perioadă care coincide cu apariţia comunităţilor stratificate social –, este un tipar mult prea evident pentru a putea fi explicat prin selecţia naturală a unor mutaţii avantajoase multiple, care au apărut în mod independent unele de altele. Cred că o explicaţie mult mai plauzibilă este că, în acea perioadă, a început să fie posibil ca unii bărbaţi să acumuleze atât de multă putere, încât nu numai că au avut acces la un număr mare de femei, dar şi că îşi puteau transmite prestigiul social generaţiilor următoare, asigurând un succes asemănător şi urmaşilor lor pe linie masculină. Acest proces a determinat creşterea frecvenţei cromozomilor Y pe care-i purtau aceşti bărbaţi, de la o generaţie la alta, lăsând o urmă genetică ce spune foarte mult despre societăţile trecute.

De asemenea, este posibil ca, în această perioadă, femeile însele să fi început să acumuleze mai multă putere decât au avut înainte. Cu toate acestea, deoarece este imposibil pentru o femeie, chiar pentru una foarte puternică, să aibă un număr foarte mare de urmaşi, efectul genetic al inegalităţilor sociale este mult mai uşor de detectat pe linie masculină.

## DISCRIMINAREA SEXUALĂ ÎN AMESTECUL DE POPULAŢII

Există multe moduri în care se formează populaţiile – de exemplu, prin invazie, migraţia unora pe teritoriul altora, expansiune demografică pe acelaşi teritoriu si schimburi comerciale si culturale. Teoretic, populaţiile s-

ar putea amesteca de pe poziţii de egalitate – de exemplu, prin suprapunerea a două populaţii cu resurse egale, care se deplasează în mod paşnic în acelaşi teritoriu. Dar mult mai adesea există asimetrie în privinţa relaţiilor, oglindită de amestecurile care implică bărbaţii dintr-un grup şi femei din celălalt, aşa cum s-a întâmplat în istoria afro-americanilor şi în istoria populaţiei Yamnaya. Istoriile diferite ale bărbaţilor şi femeilor, înregistrate în diferite părţi ale genomului, fac posibil studiul acestor încrucişări, ajutând la obţinerea de indicii cu privire la interacţiunile culturale care au avut loc cu mult timp în urmă.

Unele dintre exemplele de discriminare sexuală, evidente din datele genetice, sunt cu adevărat

străvechi. Să luăm, de exemplu, formarea populaţiei ancestrale de non-africani. Toate analizele genetice asupra non-africanilor evidenţiază gâtuirea genetică de acum mai mult de 50 000 de ani – însemnând un număr mic de indivizi care au dat naştere unui număr atât de mare de urmaşi din prezent. în 2009, am lucrat cu Alon Keinan, un doctor în stiinte din cadrul laboratorului meu, la compararea variaţiei genetice de pe cromozomul X, cel mai mare dintre cei doi cromozomi ai sexului, cu restul genomului. Spre surprinderea noastră, am găsit mult mai puţină variaţie genetică la nivelul cromozomului X al non-africanilor decât ne-am fi aşteptat, ţinând cont de gradul de variaţie genetică de la nivelul restului genomului, dacă am presupune că bărbaţii şi femeile au participat în mod egal la fondarea populaţiei ancestrale de non-africani. Tiparul era mult prea exagerat pentru a putea fi explicat printr-un scenariu simplu implicând un număr mai mare de bărbaţi decât de femei care să fi participat la fondarea populaţiei ancestrale de non-africani. Am descoperit însă că un scenariu care ar putea explica respectivul tipar presupune că, după apariţia iniţială a populaţiei ancestrale de non-africani, au existat influenţări genetice ale acestei populaţii, din partea unor bărbaţi proveniţi din alte grupuri. Deoarece bărbaţii poartă o singură copie a cromozomului X pentru fiecare pereche de copii ale celorlalţi cromozomi, valuri repetate de migraţii ale bărbaţilor ar duce la scăderea diversităţii cromozomului X (însemnând că ar rezulta mai puţină variaţie genetică a cromozomului X în cadrul populaţiei) comparativ cu restul genomului, fapt care se potriveşte cu tiparul observat.[30]

Această ipoteză câştigă oarecare plauzibilitate o din ceea ce cunoaştem populaţiilor de vânător-culegători pigmei, din centrul Africii, cu populaţiile de agricultori, vorbitori de limbi bantu, care se află în jurul lor. Atunci când grupurile bantu s-au extins pentru prima oară din vestul Africii Centrale, acum câteva mii de ani, au avut o influenţă profundă asupra populaţiilor indigene de vânător- culegători din pădurile tropicale pe care le-au întâlnit, lucru evident din faptul că, astăzi, nicio populaţie de pigmei nu mai vorbeşte o limbă nonbantu si toti au descendentă bantu semnificativă. Chiar şi astăzi tiparul dominant indică faptul că bărbaţii bantu se încrucişează cu femei pigmee şi că descendentii lor sunt crescuţi în comunităţile de pigmei.[31] Valurile de influenţare genetică bantu în populaţia de pigmei sunt asemănătoare scenariului pe care l-am sugerat, eu şi Keinan, pentru populaţia ancestrală de non-africani. Consecinţa genetică a acestui tipar antropologic se reflectă în faptul că pigmeii au un grad foarte redus de diversitate genetică la nivelul cromozomului X, comparativ cu ce ne-am aştepta, dacă ne raportăm la restul genomului.[32] Probabil că acelaşi tip de procese au funcţionat în istoria non-africanilor, fapt care explică, şi în cazul lor, reducerea

diversităţii cromozomului X, comparativ cu restul genomului.

Dovada discriminărilor sexuale în amestecurile populaţio-nale umane devine un fapt comun. Contribuţia europeană masculin-părtinitoare la populaţiile încrucişate din Americi este puternică la afro-americani, dar este cu adevărat extraordinară în cazul populaţiilor din America Centrală şi de Sud, reflectând poveşti precum cea a lui Hernăn Cortes şi La Malinche. Andres Ruiz-Linares şi colegii au documentat cum, în regiunea Antioquia, din Columbia, care a fost relativ izolată între secolele al XVI-lea şi al XIX-lea, aproape 94% din cromo-zomii Y sunt de origine europeană, în timp ce 90% din ADN- ul mitocondrial provine de la nativii americani.[33] Acest lucru reflectă selecţia socială în defavoarea bărbaţilor nativi americani. Deoarece aproape întreaga moştenire genetică pe linie masculină provine de la europeni, şi aproape întreaga moştenire genetică pe linie feminină provine de la nativii americani, te-ai putea aştepta, în mod naiv, ca locuitorii de astăzi din Antioquia să aibă jumătate din genom derivat de la europeni şi cealaltă jumătate de la nativii americani, dar lucrurile nu stau aşa. în realitate, aproape 80% din genomul antioquian provine de la europeni.[34] Explicaţia este că Antioquia a fost inundată de emigranţi europeni timp de mai multe generaţii. Primii bărbaţi europeni care au sosit aici s-au împerecheat cu femei nativ-americane. Alţi europeni au migrat mai târziu [împerechindu-se cu descendenţii hibrizi din primul val, şi aşa mai departe, n. tr.]. Prin

valuri repetate de migraţie europeană, proporţia de moştenire genetică europeană a tot crescut în întregul genom, cu excepţia ADN-ului mitocondrial, deoarece acesta este trecut de la o generaţie la alta în mod integral de la femei.

Discriminări sexuale ample au apărut şi în amestecul care a avut loc în timpul formării populaţiilor de astăzi din India, în perioada cuprinsă între acum 4 000 şi acum 2 000 de ani.[35] După cum am discutat în partea a Il-a a cărţii, grupurile endogame din India, cu un statut social tradiţional superior, tind să aibă o mai mare moştenire genetică din partea vest-eurasiaticilor decât grupurile cu un statut social tradiţional inferior[36], iar efectul este foarte marcat în privinţa discriminării sexuale; ADN- ul mitocondrial având tendinţa de a avea, în foarte mare măsură, o origine locală, în timp ce o mult mai mare proporţie din tipurile de cromozom Y au afinitate faţă de vest-eurasiatici.[37] Acest tipar reflectă, în mod foarte plauzibil, o istorie în care bărbaţii proveniţi din populaţii cu descendenţă vest-eurasiatică ocupau un loc mult mai înalt în sistemul de caste şi uneori se căsătoreau cu femei de rang inferior. Informaţiile vorbesc despre un mod dramatic de uniune a unor populaţii inegale din punct de vedere social, pentru a forma structura genetică a Indiei de astăzi.

Cu toate acestea, ADN-ul are puterea de a răsturna supoziţiile provenite din alte domenii, iar în acest caz a oferit, de asemenea, o surpriză cu privire la amestecurile bazate pe discriminările sexuale. Astăzi, aproape orice

populaţie insulară din Pacific deţine ceva moştenire genetică de la oamenii de origine est-asiatică continentală. După cum am descris în partea a Il-a, această moştenire provine de la oameni ai căror strămoşi îşi aveau originea în insula Taiwan şi care au inventat navigaţia pe distanţe lungi, pe care au utilizat-o pentru a-şi răspândi populaţia, limba şi genele. Dar aproape fiecare populaţie din insulele Pacificului deţine, de asemenea, şi o moştenire papuaşă, fiind înrudiţi cu vânător-culegătorii din Noua Guinee. în mod surprinzător, ţinând cont de ideea conform căreia bărbaţii dintr-o populaţie aflată în expansiune au tendinţa de a se împerechea cu femeile locale, studiile iniţiale asupra ADN-ului mitocondrial şi a cromozomilor Y au arătat că populaţia hibridă de astăzi din Pacific îşi trage cea mai mare parte a ADN-ului de origine est-asiatică nu de la bărbaţi, ci de la strămoşii pe linie feminină.[38]

O explicaţie posibilă a acestui tipar a fost aceea că, în societăţile timpurii din Pacific, proprietatea era transmisă, de regulă, pe linie feminină, iar bărbaţii fuseseră cei care se depla-saseră, cu precădere, în aceste locuri.[39] Dar mai există un proces care este posibil să fi contribuit. După cum am arătat în partea a Il-a a cărţii, laboratorul meu a demonstrat că primii oameni din largul Pacificului aveau puţină moştenire papuaşă.[40] Am arătat că valuri ulterioare de migraţii de la vest către est ale oamenilor proveniţi din amestecul papuaşilor cu est-asiaticii de pe continent ar putea explica omniprezenţa moştenirii papuaşe în insulele îndepărtate ale Pacificului

de astăzi. Dacă bărbaţii provenind dintr-un val migrator ulterior aveau un avantaj social faţă de populaţia rezidentă anterioară, acest lucru putea duce la amestecul bărbaţilor nou-sosiţi, care aveau moştenire papuaşă, cu femeile stabilite acolo, care aveau o moştenire genetică înrudită cu est-asiaticii.

Exemplul insularilor din Pacific subliniază cât de important este să nu presupunem pur şi simplu că analizele genetice ale evenimentelor bazate pe discriminarea sexuală vor confirma aşteptările antropologice. Acum că a sosit revoluţia genomului, cu puterea sa de a respinge teorii foarte vechi, trebuie să abandonăm obiceiul de a aştepta confirmarea teoriilor anterioare cu privire la trecutul omenirii. Pentru a înţelege cine suntem, trebuie să abordăm trecutul cu umilinţă si cu o minte deschisă si să fim

J î »

pregătiţi să ne schimbăm convingerile, din respect pentru valoarea datelor concrete.

## VIITORUL STUDIERII GENETICE A INEGALITĂŢILOR

*

în prezent, metodele de folosire a datelor genetice pentru studierea discriminărilor sexuale prezente în istoria omenirii sunt frustrant de primitive. Multe dintre cele mai interesante descoperiri legate de

discriminările sexuale s-au bazat numai pe două locaţii din genom, cromozomul Y şi ADN-ul mitocondrial, care reflectă doar o fracţiune infimă din arborele nostru genealogic. Studiile referitoare la dinamicile populaţionale bazate pe discriminări sexuale, folosind aceste

secţiuni ale genomului, au devenit aproape inutile pentru înţelegerea evenimentelor care au avut loc cu mai mult de 10 000 de ani în urmă, deoarece, pe măsură ce ne afundăm în timp, oricare individ din lume provine dintr-un număr redus de Strămoşi masculini si $_{f}$ $_{3}$ feminini, prea puţini pentru a susţine o măsurătoare statistică precisă a discriminării sexuale.

Viitoarele studii referitoare la amestecul de populaţii susţinut de discriminările sexuale vor profita din plin de puterea datelor întregului genom. Studiile la nivel de genom pot compara mii de genealogii independente înregistrate în cromozomul X, cu zecile de mii de genealogii independente purtate de restul genomului. Compararea variaţiei genetice de pe cromozomul X cu variaţia genetică din alt punct al genomului ar trebui, la modul teoretic, să asigure o rezoluţie statistică mai bună. Dar, deşi unele studii de acest fel au fost revelatoare, precizia estimărilor a fost dezamăgitoare până în prezent, lucru care s-ar putea datora acţiunilor intense ale selecţiei naturale, care au afectat în mai mare măsură cromozomii X decât ceilalţi cromozomi si care îngreunează interpretarea tiparelor lor. Aşadar, în timp ce multe evenimente majore de amestec – precum cele dintre păstorii din stepă şi agricultorii din Europa sau cele dintre Neanderthalieni, denisovani şi oamenii moderni, din trecutul mai îndepărtat – ar putea să aibă elemente de discriminare sexuală, detectarea lor prin compararea fracţiunilor de moştenire de pe cromozomul X cu restul genomului este în prezent o

provocare?[1] Dar problemele noastre din prezent legate de realizarea unor estimări precise privind discriminările sexuale, bazându-ne pe cromozomul X, sunt, în mare măsură, probleme de ordin tehnic, reflectând limitările tehnicilor statistice de care dispunem astăzi. Noi metode, care se vor dezvolta în următorii ani, vor elibera întreaga putere de comparaţie între cromozomii X şi restul genomului. Sper ca aceste metode îmbunătăţite, alături de datele directe oferite de ADN-ul ancestral provenit de la oamenii care au trăit pe vremea acestor încrucişări populaţionale, să ne ofere noi perspective genomice cu privire la natura inegalităţii din trecutul îndepărtat al oamenilor.

Dovada genomică a originii ancestrale a inegalităţii – dintre bărbaţi si femei si dintre oameni de acelaşi sex, dar cu mai multă sau mai puţină putere – este sugestivă, în lumina continuităţii de netăgăduit a inegalităţilor în zilele noastre. Un posibil răspuns ar putea fi acela că inegalitatea este parte a naturii umane şi că ar trebui să o acceptăm aşa cum este. Cred însă că trebuie să învăţăm lecţia opusă. Eforturile constante de luptă împotriva demonilor noştri – împotriva obiceiurilor sociale şi comportamentale care sunt conţinute în biologia noastră – reprezintă unul dintre comportamentele care ne înnobilează, de care noi, oamenii, ca specie, suntem capabili; aceste comportamente au fost esenţiale pentru multe dintre reuşitele şi realizările noastre. Dovada originii ancestrale a inegalităţii ar trebui să ne motiveze să o tratăm într-un mod mult mai sofisticat şi să ne

comportăm puţin mai bine în vremurile noastre.

# CAPITOLUL 11

# GENOMICA RASEI SI A IDENTITĂŢII

## TEAMA DE DIFERENTELE BIOLOGICE

Când mi-am început activitatea academică, în 2003, mi-am pariat cariera pe ideea că istoria vest-africanilor şi a europenilor din Americi va face posibilă descoperirea factorilor de risc care conduc la diferenţe în privinţa bolilor precum cancerul de prostată, care apare cu o rată de 1,7 ori mai mare la afro-americani decât la americanii europeni.[1] Această discrepanţă aparte nu a putut fi explicată pe baza diferentelor de mediu sau de alimentaţie dintre populaţii, sugerând faptul că factorii genetici ar putea juca un rol.

80% din zestrea genetică a afro-americanilor de astăzi provine de la sclavii africani aduşi în America de Nord între secolele al XVI-lea si al XIX-lea. într-un grup mare de afro-americani, este de aşteptat ca proporţia de moştenire genetică africană din oricare locaţie a genomului să fie apropiată de o valoare medie (definind proporţia de moştenire genetică africană drept fracţiunea de strămoşi existenţi în Africa de Vest înainte de acum aproximativ 500 de ani). Totuşi, dacă există factori de risc ai cancerului de prostată, care apare cu o frecvenţă mai mare la vest-africani decât la

europeni, atunci este de aşteptat ca afro-americanii cu cancer de prostată să fi moştenit o zestre genetică africană mai mare decât media, în vecinătatea acestor variaţii genetice.

Această idee poate fi folosită pentru identificarea genelor care provoacă boala.

Pentru a întreprinde astfel de studii, am pus la punct un laborator de biologie moleculară pentru identificarea mutaţiilor care diferă ca frecventă între vest-africani şi europeni. Alături de colegii mei am dezvoltat metode care foloseau informaţia obţinută din aceste mutaţii pentru a identifica unde anume, în genom, sunt plasate segmente de ADN provenite de la strămoşii lor vest-africani şi europeni.[2] Pentru a demonstra că aceste idei funcţionează în practică, am aplicat aceste metode mai multor trăsături, incluzând cancerul de prostată, fibromul uterin, bolile renale terminale, scleroza multiplă, leucopeniile şi diabetul de tip 2.

în 2006, alături de colegii mei, am aplicat metodele noastre pe un număr de 1 597 de bărbaţi afro- americani cu cancer de prostată şi am găsit că, într-o anumită regiune a genomului, aveau cu 2,8% mai multă moştenire genetică africană decât media din restul genomului lor.[3] Posibilitatea apariţiei unei asemenea creşteri a moştenirii genetice de origine africană, în mod accidental, era de 1:10 000 000. Atunci când ne-am uitat mai în amănunt, am găsit că această regiune conţinea cel puţin şapte factori de risc pentru

cancerul de prostată, toţi fiind mai frecvent întâlniţi la vest-africani decât la europeni.[4] Descoperirile noastre ar putea explica în totalitate rata mai mare a cancerului de prostată la afro- americani decât la americanii europeni. Am putut trage această concluzie deoarece afro-americanii, care se întâmplă să fi avut o moştenire complet europeană în această mică secţiune a genomului lor, aveau aproximativ acelaşi risc de cancer de prostată ca şi americanii europeni luaţi la întâmplare.[5]

în 2008, am făcut o prezentare a studiului meu asupra cancerului de prostată, la o conferinţă pe tema disparităţilor în materie de sănătate la diferite grupuri etnice din Statele Unite. în prezentare, am încercat să transmit entuziasmul meu cu privire la abordarea ştiinţifică si la convingerea mea că metoda ar putea fi de ajutor în depistarea factorilor de risc şi în cazul altor boli. Totuşi, după prezentare, am fost interpelat cu agresivitate de un antropolog din public, care considera că, prin studiul segmentelor de ADN de la „vest-africani” şi „europeni” pentru a înţelege diferenţele biologice dintre aceste două grupuri, cochetam cu rasismul. întrebările ei au fost secondate de alti câţiva si m-am confruntat cu reacţii asemănătoare şi la alte conferinţe. Un specialist în etică legală, care m-a ascultat vorbind pe o temă asemănătoare, mi-a sugerat că ar fi bine să mă refer la populaţiile din care provin afro-americanii drept „grupul A” şi „grupul B”. Dar i-am răspuns că ar fi lipsit de onestitate să ascund modelul istoric care punea în mişcare această cercetare. Fiecare

caracteristică a datelor pe care le-am analizat sugera că acest model era unul semnificativ din punct de vedere ştiinţific, oferind estimări corecte despre localizarea, în genom, a acestor segmente de ADN care provin de la strămoşi care au trăit în vestul Africii sau în Europa, în decursul ultimelor 20 de generaţii, înainte de amestecul determinat de colonialism si de comerţul cu sclavi. Era, de asemenea, limpede că această abordare identifica factori de risc reali, care variau în frecvenţă în cadrul populaţiilor, conducând la descoperiri cu potenţial în a îmbunătăţi starea de sănătate.

*

Departe de a fi extremişti, cei care-mi puneau astfel de întrebări exprimau punctul de vedere dominant cu privire la pericolul pe care-l poate reprezenta explorarea diferenţelor biologice dintre populaţiile umane. în 1942, antropologul Ashley Montagu a scris *Man's Most Dangerous Myth: The Fallacy of Race,* in care susţinea că rasa este un concept social, fără realitate biologică, stabilind tonul cu care antropologii şi numeroşi biologi au abordat de atunci încoace această temă.[6] Un exemplu clasic, citat adesea, se referă la lipsa de substanţă în definirea „negrilor". în Statele Unite, există tendinţa de a-i numi „negri" pe acei oameni care au o moştenire genetică africană subsaharianã – chiar dacă este vorba doar despre o fracţiune foarte mică şi chiar dacă au o piele foarte deschisă la culoare. în Marea Britanie, prin „negrii" sunt denumiţi, de obicei, indivizii care au o origine africană subsaharianã, dar şi o culoare închisă a pielii.

în Brazilia, definiţia este din nou diferită: o persoană este „neagră” dacă are întru totul descendenţă africană. Dacă „negru” are atât de multe definiţii inconsistente, cum ar putea să existe vreun înţeles biologic pentru cuvântul „rasă”?

începând cu anul 1972, argumentele genetice au început să fie incorporate în afirmaţiile antropologilor cu privire la lipsa de diferenţe biologice substanţiale dintre populaţiile umane. în acel an, Richard Lewontin a publicat un studiu al variaţiei tipurilor de proteine din sânge.[7] El a grupat populaţiile pe care le-a analizat în şapte „rase” – vest- eurasiatici, africani, est-asiatici, sud-asiatici, nativi americani, populaţia Oceaniei şi indigeni australieni – şi a descoperit că aproximativ 85% din variaţia tipurilor de proteine ar putea fi explicată prin variaţia *în cadrul* populaţiilor şi „raselor”, şi numai 15% prin variaţii *între* acestea. El a tras concluzia că: „Rasele şi populaţiile sunt remarcabil de asemănătoare între ele, cea mai mare parte a variaţiei umane fiind explicată de diferenţele dintre indivizi. Clasificarea rasială a oamenilor nu are valoare socială si are efecte distructive asupra relaţiilor sociale şi umane, întrucât o astfel de clasificare rasială este privită astăzi practic ca neavând vreo semnificaţie genetică sau taxonomică, nu există justificare pentru menţinerea ei”.

Astfel, prin colaborarea dintre antropologi şi geneticieni a fost stabilit consensul că nu există diferenţe atât de mari între populaţiile umane, încât să îndreptăţească conceptul de „rasă biologică”. Rezultatele lui Lewontin au

spus cu claritate că, în privinţa majorităţii trăsăturilor, populaţiile umane se suprapun în atât de mare măsură, încât este imposibil să identifici o singură trăsătură biologică, una care să ducă la separarea oamenilor în oricare două grupuri, ceea ce este, în mod intuitiv, ce cred unii oameni atunci când se gândesc la „rasă biologică”.

Dar acest consens la care au ajuns mulţi antropologi şi geneticieni s-a transformat, aparent fără dubii, într-o doctrină care spune că diferenţele biologice dintre populaţiile umane sunt atât de modeste, încât ar trebui să fie practic ignorate – ba mai mult de atât, din cauză că subiectul este atât de sensibil, studiul diferenţelor biologice dintre populaţii ar trebui să fie evitat pe cât posibil. Nu este deci surprinzător faptul că unii antropologi şi sociologi privesc cercetările genetice referitoare la diferenţele dintre populaţiile umane ca fiind problematice, chiar dacă sunt întreprinse cu bune intenţii. Ei sunt îngrijoraţi de faptul că rezultatele studierii unor astfel de diferenţe vor fi folosite pentru a valida conceptul de rasă, care ar trebui să fie considerat discreditat. Ei consideră că aceste studii sunt plasate pe terenul alunecos al unor argumente pseudo-ştiinţifice referitoare la diferenţele biologice, care au fost folosite în trecut pentru a încerca justificarea comerţului cu sclavi, mişcarea eugeniştilor de sterilizare a persoanelor cu dizabilităţi ca fiind biologic defecte şi uciderea de către nazişti a 6 000 000 de evrei.

Preocuparea este într-atât de acută, încât politologul Jacqueline Stevens a sugerat ca

atât cercetarea, cât şi e-mailurile în care sunt discutate diferenţele biologice dintre populaţii să fie interzise şi că Statele Unite „ar trebui să emită o lege care să interzică cercetătorilor şi sponsorilor lor [...] să publice, sub orice formă – inclusiv prin documente de uz intern si citări ale altor lucrări – afirmaţii

* » despre genetica asociată cu variabilitatea rasei, etniei, naţionalităţii sau a oricăror alte categorisiri din cadrul populaţiei, care sunt observate sau imaginate ca fiind ereditare, cu excepţia cazului în care se observă diferente semnificative statistic între grupuri, iar des-crierea acestora va produce beneficii clare pentru sănătatea populaţiei, aşa cum se stipulează de către comisiile de analiză, cărora aceste observaţii trebuie înaintate si de care trebuie aprobate.”[8]

## LIMBAJUL DESCENDENŢEI

Dar fie că ne place sau nu, revoluţia genomului nu poate fi oprită. Rezultatele pe care le oferă fac imposibilă menţinerea doctrinei stabilite în ultima jumătate de secol, deoarece acestea dezvăluie dovezi clare ale diferenţelor substanţiale dintre populaţii.

Prima mare întâlnire dintre revoluţia genomului şi doctrina antropologică a apărut în 2002, când Marc Feldman şi colegii săi au arătat că, prin studierea unui număr suficient de mare de locuri din genom – ei au analizat 377 de poziţii variabile –, este posibil să grupezi cei mai mulţi oameni dintr-un eşantion cuprinzând întreaga populaţie a lumii în clustere care se corelează puternic cu categoriile populare de rasă din Statele Unite:

„africană”, „europeană”, „est- asiatică”, „populaţia Oceaniei” şi „nativ-americană”[9]. în timp ce concluziile lui Feldman erau, în mare măsură, în concordanţă cu cele ale lui Lewontin, în sensul că datele sale arătau, de asemenea, că există mai multă variabilitate în interiorul grupurilor decât între grupuri, studiul său definea grupurile în termenii combinaţiilor de mutatii în loc să analizeze mutaţiile în mod individual, aşa cum făcuse Lewontin.

Oamenii de ştiinţă au răspuns prompt. Unul dintre ei a fost Svante Pääbo care, opt ani mai târziu, urma să conducă studiile de secvenţiere a întregului genom al Neanderthalienilor şi denisovanilor arhaici. Pääbo a venit la dezbaterea despre natura structurii populaţiei umane în calitate de director fondator al Institutului de Antropologie Evoluţionistă Max Planck din Leipzig, care a fost înfiinţat în 1997, în efortul de a reintroduce Germania într-un domeniu în care jucase un rol de lider înaintea celui de-al Doilea Război Mondial, dar pe care îl abandonase în mare parte din cauza contribuţiei centrale a antropologilor la dezvoltarea teoriei naziste despre rasă.

Svante Pääbo şi-a luat în serios responsabilitatea morală în calitate de lider al unui ambiţios institut antropologic german şi s-a întrebat dacă adevărul despre structura populaţiei umane nu era mai curând cel sugerat de antropologul Frank Livingston, cum că „nu există rase, ci doar cline” – un punct de vedere în care variaţia genetică umană este caracterizată prin gradienţi

geografici graduali care reflectă încrucişarea dintre vecini.[10] Pentru a explora această ipoteză, Pääbo a investigat dacă grupele determinate de studiul lui Feldman au apărut clar definite, deoarece populaţiile analizate au fost eşantionate din întreaga lume într-un mod nealeatoriu. Pentru a înţelege cum poate o eşantionare nealeatorie să influen-teze acest rezultat, gândiţi-vă la Statele Unite, unde există o extraordinară diversitate, dar unde discontinuităţile genetice dintre grupuri precum afro-americani, americani europeni şi est-asiatici sunt mai accentuate decât în locurile din care provenit populaţiile imigrante, deoarece Statele Unite şi-a atras imigranţii dintr-un subgrup de locaţii mondiale. De exemplu, în Statele Unite, majoritatea moştenirii genetice africane provine de la câteva grupuri din vestul Africii[11], majoritatea moştenirii genetice europene provine din nord-vestul Europei, iar majoritatea moştenirii genetice asiatice, din nord- estul Asiei. Pääbo a arătat că o astfel de eşantionare nealeatorie poate fi răspunzătoare de unele dintre efectele pe care le-au observat Feldman şi colegii săi. Totuşi, studii ulterioare au demonstrat că eşantionarea nealeatorie nu ar putea explica cea mai mare parte a structurii, deoarece o grupare substanţială a populaţiilor umane se observă chiar şi atunci când se repetă analizele pe seturi de eşantionare mai uniform distribuite din punct de vedere geografic.[12]

O altă serie de discuţii a urmat unei lucrări din 2003, îndrumată de Neil Risch, care susţinea că gruparea rasială este utilă în

cercetarea medicală, nu doar pentru a regla diferenţele socio-economice şi culturale, dar şi pentru că se corelează cu diferenţele genetice pe care este important să le cunoaştem atunci când se face diagnosticarea şi tratarea bolii.[13] Risch a fost convins de exemple precum siclemia, care apare mult mai frecvent la afro-americani decât la celelalte populaţii din Statele Unite. El susţinea că este indicat ca medicii să se gândească mai degrabă la siclemie dacă pacientul este afro-american.

în 2005, The Food and Drug Administration, din Statele Unite, a sprijinit acest mod de gândire atunci când a aprobat BiDil, o combinaţie de două medicamente recomandate pentru tratarea insuficienţei cardiace la afro-americani, deoarece datele indicau că sunt mai eficiente la afro-americani decât la americanii europeni. Dar, pe de altă parte, David Goldstein a sugerat că respectivele categorii rasiale sunt atât de slab predictibile pentru cele mai multe rezultate biologice, încât nu au valoare pe termen lung.[14] El şi colegii săi au arătat că există o corelaţie foarte slabă între categoriile folosite în recensământul populaţiei din Statele Unite şi reacţiile periculoase la diferite medicamente. El a recunoscut că bazarea pe categorii rasiale şi etnice este utilă, dat fiind nivelul scăzut al cunoaşterii din prezent, dar a prezis că viitorul va implica testarea individuală directă pentru mutaţiile deţinute de fiecare si eliminarea totală a folosirii clasificărilor rasiale ca bază a deciziilor medicale individualizate.

în acest context al controverselor au apărut

studii precum cele provenite din laboratorul meu, centrate pe metode de determinare a originii populaţiei, nu numai cu privire la strămoşii noştri, ci şi la segmentele individuale ale genomurilor noastre. Antropologul Duana Fullwiley a scris că dezvoltarea a ceea ce ea numeşte „tehnologia amestecului” şi limbajul „strămoşilor” pe care l-au adoptat geneticieni asemenea mie este o revenire la ideile tradiţionale ale raselor biologice.[15] Ea a subliniat că, în Statele Unite, termenul de „descendenţă” (obârşie, strămoşi, origine etc., n. tr.) pe care-l folosim se înrudeşte destul de mult cu categoriile rasiale tradiţionale, iar părerea ei este că geneticienii populaţionişti au inventat un set de eufemisme pentru a discuta despre subiecte care au devenit tabu. Convingerea că am adoptat eufemisme este împărtăşită, de asemenea, şi de cei aflaţi la celălalt capăt al spectrului politic. La o conferinţă din 2010, de la Cold Spring Harbor Laboratory, la care am participat, jurnalistul Nicholas Wade şi-a exprimat resentimentele pe care le are faţă de termenul de „descendenţă” pe care îl foloseşte comunitatea geneticienilor populaţionişti, afirmând că „termenul de rasă este un cuvânt din limba engleză cât se poate de bun”.

Dar „descendenţă” nu este un eufemism şi nici nu este sinonim cuvântului „rasă”. în schimb, termenul s-a născut din nevoia urgentă de a folosi un limbaj precis pentru a discuta diferenţele dintre oameni, la momentul la care dezvoltarea ştiinţifică a oferit, în sfârşit, uneltele necesare pentru a le detecta. Este un fapt de necontestat că există

diferenţe genetice medii, deloc banale, între populaţii cu privire la multiple trăsături, iar vocabularul pentru cuvântul rasă este prost definit şi prea încărcat de istorie pentru a ne fi de ajutor. Dacă vom continua să-l folosim, nu vom putea încheia dezbaterea actuală, împotmolită în conflictul dintre două poziţii nejustificate. Pe de o parte, există credinţe cu privire la natura diferenţelor, care sunt generate de fanatism şi au puţină legătură cu realitatea. Pe de cealaltă parte, există ideea că oricare diferenţe dintre populaţii sunt atât de modeste, încât, din punctul de vedere al politicilor sociale, pot fi ignorate şi îndepărtate. Este momentul să lăsăm în urmă această falsă dicotomie paralizantă şi să înţelegem ce ne spune, cu adevărat, genomul.

## ADEVĂRATELE DIFERENTE BIOLOGICE

J

Am o înţelegere profundă faţă de îngrijorarea că descoperirile genetice despre diferenţele dintre populaţii pot fi utilizate în mod abuziv pentru a justifica rasismul. Dar tocmai din cauza acestei înţelegeri, mă îngrijorează faptul că oamenii care neagă posibilitatea unor diferenţe biologice substanţiale între populaţii, în privinţa unei palete largi de trăsături, persistă într-o poziţie nejustificată, una care nu va supravieţui atacului ştiinţei. în ultimele două decenii, cei mai mulţi geneticieni populaţionişti au încercat să evite contradicţiile cu doctrina ştiinţifică. Atunci când suntem întrebaţi ţ J* despre posibilitatea existenţei diferenţelor între populaţiile umane, avem tendinţa de a ne eschiva, făcând enunţuri matematice în spiritul celor ale lui Richard Lewontin, cu

privire la diferenţele medii dintre indivizii din cadrul aceleaşi populaţii, care sunt de sase ori mai mari decât diferentele medii dintre populaţii. Subliniem faptul că mutaţii care stau la baza unor trăsături care diferă în mod dramatic între populaţii – exemplul clasic este culoarea pielii – sunt neobişnuite şi că atunci când analizăm genomul este limpede că diferenţele tipice în frecvenţa mutaţiilor dintre populaţii sunt mult mai mici.[16] Dar această formulare în cuvinte bine alese maschează, în mod deliberat, posibilitatea existenţei diferenţelor medii substanţiale între populaţii, în ceea ce priveşte trăsăturile biologice.

Pentru a înţelege de ce nu mai este o opţiune pentru geneticieni să se pună de acord cu antropologii şi să sugereze că orice diferenţe dintre populaţiile umane sunt atât de modeste, încât pot fi ignorate e de ajuns să aruncaţi un ochi la „bloggerii genomului”. De când a început revoluţia genomului, Internetul abundă în discuţii despre lucrările scrise pe tema variaţiei umane, iar unii bloggeri au devenit chiar analişti pricepuţi ai datelor accesibile publicului. Comparativ cu majoritatea oamenilor de ştiinţă, politica bloggerilor genomului are tendinţa de a fi una de dreapta – postările lui Razib Khan[17] şi Dienekes Pontikos[18] referitoare la descoperirea unor diferenţe medii în trăsături între populaţii, inclusiv aspectul fizic şi abilitatea atletică. Blogul *Eurogenes* abundă, uneori, în până la o mie de comentarii, ca răspuns la postări pe subiectul fierbinte al identificării populaţiilor care au răspândit limbile indo-europene[19], un subiect foarte

sensibil deoarece, aşa după cum am arătat în partea a Il-a a cărţii, scenariile despre expansiunea vorbitorilor de limbi indo-europene au fost folosite ca o bază pentru construirea de mituri naţionale[20], iar, uneori, s-a făcut abuz de ele, cum s-a întâmplat în Germania nazistă.[21] Convingerile politice ale bloggerilor genomului sunt alimentate, în parte, de ideea că, atunci când se discută despre diferenţele biologice dintre populaţii, comunitatea academică nu onorează spiritul căutării adevărului ştiinţific. Bloggerii genomului sunt încântaţi să sublinieze contradicţiile dintre mesajele corecte politic pe care le oferă, deseori, mediul academic, despre diferenţele imperceptibile ale trăsăturilor între populaţii şi lucrările lor care arată că aceasta nu e calea spre care se îndreaptă ştiinţa.

Dar ce diferenţe reale cunoaştem? Nu putem nega existenta unor diferente medii substanţiale între populaţii, nu numai în privinţa unor trăsături precum culoarea pielii, dar şi diferenţe legate de dimensiunea corpului, capacitatea de a digera amidonul sau lactoza din lapte, capacitatea de a respira cu uşurinţă la mari altitudini şi predispoziţia la anumite boli. Aceste diferenţe reprezintă doar începutul. Mă aştept ca motivul pentru care nu cunoaştem un număr mai mare de diferente între

* * populaţiile umane să fie faptul că nu au fost încă efectuate studii cu o putere statistică adecvată, care să le detecteze. Pentru majoritatea trăsăturilor, există, după cum a spus Lewontin, mult mai multă variaţie

în interiorul unei populaţii decât între populaţii. Asta înseamnă că indivizi cu va-lori extrem de ridicate sau de scăzute ale majorităţii trăsăturilor pot apărea în orice populaţie. Dar asta nu exclude existenta diferentelor medii mai subtile în trăsături între populaţii.

Lipsa de justificare a doctrinei este evidentă aproape de fiecare dată. în 2016, am participat la o conferinţă despre rase şi genetică, susţinută de biologul Joseph L. Graves Jr., la Muzeul de Arheologie şi Etnologie Peabody, de la Harvard. La un moment dat, Graves a comparat cele aproximativ cinci mutaţii cunoscute a avea efecte importante asupra pigmentaţiei pielii şi care sunt, în mod evident, diferite ca frecvenţă, la diferite populaţii, cu cele peste 10 000 de gene cunoscute a fi active în creierul uman. El a susţinut că, spre deosebire de genele răspunzătoare de pigmentaţie, tiparele genelor deosebit de active la nivelul creierului ar avea cu siguranţă o medie superioară a mutaţiilor în foarte multe locaţii, unele mutaţii propulsând trăsăturile cognitive şi comportamentale într-o direcţie, iar altele împingându-le în cealaltă direcţie. Dar această explicaţie nu funcţionează deoarece, în realitate, dacă selecţia naturală a exercitat presiuni diferite asupra a două populaţii de când acestea s-au separat, trăsăturile influenţate de un număr mare de mutatii sunt la fel de capabile să realizeze diferenţe medii mari între populaţii, ca şi trăsăturile influenţate de un număr mic de mutaţii. Şi într-adevăr, este deja cunoscut faptul că trăsăturile modelate de un număr mare de

mutaţii (cum este probabil cazul comportamentului şi al cogniţiei) sunt ţinte cel puţin la fel de importante ale selecţiei naturale ca alte trăsături, precum culoarea pielii, care este determinată de un număr mic de mutatii.[22] Cel mai bun exemplu pe care-l avem astăzi la dispoziţie, al unei trăsături controlate de un număr mare de mutaţii, este înălţimea. Studii pe sute de mii de persoane au demonstrat că înălţimea este determinată de mii de poziţii variabile din cuprinsul genomului. 0 analiză din 2012, îndrumată de Joel Hirschhorn, a demonstrat că selecţia naturală a acestor mutaţii este răspunzătoare de statura medie mai scăzută a populaţiei din sudul Europei, comparativ cu cea a nord-europenilor.[23]

înălţimea este doar un exemplu. Jonathan Pritchard a desfăşurat un studiu care a arătat că, în ultimii aproximativ 2 000 de ani, a existat o selecţie a variaţiilor genetice care afectează multe alte trăsături la britanici, incluzând creşterea dimensiunii medii a craniului la sugar şi o creştere a dimensiunii medii a şoldurilor femeilor (probabil pentru a se adapta la dimensiunea crescută a capului copilului în timpul naşterii).[24]

Este tentant să susţinem că influenţarea genetică a dimensiunilor corpului este ceva, în timp ce trăsăturile cognitive şi comportamentale sunt altceva. Dar această linie a fost deja trecută. Deseori, atunci când o persoană participă la studiul genetic al unei boli, are de completat un formular în care oferă informaţii despre înălţime, greutate şi numărul de ani de scoală. Prin corelarea informaţiilor referitoare

la numărul de ani de şcoală provenite de la peste 400 000 de subiecţi de origine europeană, ale căror genomuri fuseseră analizate în cadrul diverselor studii asupra unor boli, Daniel Benjamin şi colegii săi au identificat 74 de variaţii genetice, pentru fiecare dintre ele existând dovezi certe că sunt mai frecvente la persoanele cu mai mulţi ani de studiu decât la cei cu mai puţini, chiar şi după ce s-au verificat factorii posibil confundabili precum heterogenitatea din cadrul populaţiei studiate.[25] Benjamin şi colegii săi au arătat, de asemenea, că puterea geneticii de a face predicţii în privinţa numărului de ani de şcoală este departe de a fi banală, chiar dacă influenţele sociale au, cu siguranţă, o influenţă medie mai mare asupra acestui comportament decât genetica. Ei au arătat că, în cazul populaţiei cu descendenţă europeană pe care şi-au desfăşurat studiul, ar putea fi posibil să se construiască un predictor genetic în care probabilitatea de a urma 12 ani de şcoală este de 96% pentru a douăzecea parte a persoanelor cu cea mai ridicată predicţie genetică, comparativ cu probabilitatea de numai 37% în cazul celor cu cea mai scăzută predicţie genetică.[26]

Cum anume influenţează aceste variaţii genetice nivelul de instruire? Presupunerea logică este că aceste variaţii au un efect direct asupra capacităţilor academice, dar probabil că o asemenea concluzie este greşită. Un studiu desfăşurat pe un număr de peste 100 000 de islandezi a arătat că aceste variaţii cresc, de asemenea, vârsta la care o femeie dă naştere primului ei copil şi că acesta este un

efect cu mult mai puternic decât cel referitor la numărul de ani de şcoală. Este posibil ca aceste variaţii genetice să-şi manifeste efectul în mod indirect, determinând oamenii să amâne conceperea primul copil, ceea ce le facilitează finalizarea studiilor.[27] Acest lucru indică faptul că, atunci când găsim diferenţe biologice care controlează comportamentul, acestea s-ar putea să nu funcţioneze în sensul pe care-l presupunem noi, în mod naiv.

Nu au fost încă descoperite diferenţe medii între populaţii în privinţa frecvenţei mutaţiilor care influenţează nivelul de instruire. Dar o descoperire grăitoare este aceea că persoanele mai în vârstă din Islanda sunt, în mod sistematic, diferite de cele mai tinere, având un număr estimat genetic mai mare de ani de şcoală.[28] Augustine Kong, conducătoarea studiului islandez, a arătat că aceste rezultate reflectă o selecţie naturală petrecută în ultimul secol, în detrimentul indivizilor cu un nivel prezis de educaţie mai mare, datorat probabil selecţiei indivizilor care au început să aibă copii la o vârstă mai tânără. Dat fiind faptul că fundamentele genetice ale numărului de ani de şcoală urmaţi de o persoană s-au schimbat, în mod măsurabil, în decurs de un secol într-o singură populaţie aflată sub presiunea selecţiei naturale, pare foarte probabil ca această trăsătură să varieze şi între populaţii.

Nimeni nu cunoaşte modul în care variaţiile î

*

genetice care influenţează nivelul de instruire al oamenilor de origine europeană afectează comportamentul oamenilor care nu au o origine europeană sau care fac parte din

sisteme sociale diferit structurate. Acestea fiind spuse, se pare că, dacă aceste mutaţii au un efect asupra comportamentului unei populaţii, vor afecta şi comportamentul altor populaţii, chiar dacă efectul este diferit în funcţie de contextul social. Iar nivelul de instruire, ca trăsătură, reprezintă, probabil, doar vârful icebergului trăsăturilor comportamentale influenţate genetic. Studiul lui Benjamin este deja urmat şi de alte studii în care s-au găsit predictori genetici ai unor trăsături comportamentale[29], inclusiv o cercetare derulată pe mai mult de 70 000 de oameni, ale cărei rezultate au evidential existenta de mutaţii cu putere predictivă semnificativă a performanţelor la testele de inteligenţă în peste 20 de gene.[30]

Pentru cei care doresc să contrazică posibilitatea existenţei unor diferenţe biologice între populaţii, suficient de substanţiale pentru a face o diferenţă între aptitudinile sau înclinaţiile oamenilor, calea cea mai sigură ar fi aceea de a afirma că, şi dacă ar exista astfel de diferenţe, probabil că ele sunt mici. Argumentul ar fi că, şi dacă există diferenţe medii între populaţiile umane în privinţa trăsăturilor determinate genetic, care influenţează cogniţia şi comportamentul, de la separarea populaţiilor a trecut atât de puţin timp, încât probabil diferenţierea cantitativă între populaţii este extrem de mică, revenindu-se la argumentul lui Lewontin, că diferenţele medii dintre populaţii diferite sunt mult mai mici decât diferentele medii dintre indivizii

aparţinând aceleiaşi populaţii. Dar nici acest

argument nu ţine. Timpul mediu de separare între perechi de populaţii umane, de când s-au ramificat dintr-o populaţie ancestrală comună, care este în jur de 50 000 de ani pentru unele perechi de populaţii non-africane şi de până la 200 000 de ani sau chiar mai mult în cazul unor populaţii africane subsahariene, este departe de a fi neglijabil pe scala de timp a evoluţiei umane. Dacă selecţia cu privire la înălţime şi circumferinţa capului nou-născutului poate avea loc în decurs de 2 000 de ani[31], pare greşit să susţii că nu pot apărea diferenţe medii asemănătoare în privinţa trăsăturilor cognitive şi comportamentale. Chiar dacă nu ştim care sunt aceste diferenţe încă, ar trebui să pregătim ştiinţa şi societatea pentru a putea face faţă realităţii acestor diferenţe, în loc să ne ascundem capetele în nisip şi să pretindem că astfel de diferenţe nu pot fi descoperite. A nu avea nicio reacţie şi a sugera publicului şi colegilor că nu pare posibil să existe diferente substanţiale între trăsăturile diferitelor

populaţii este o strategie pe care nu ne-o mai putem permite, noi, oameni de ştiinţă, şi care, în fapt, este nocivă. Dacă în calitate de oameni de stiintă ne vom abţine, din proprie iniţiativă, să stabilim un cadru raţional pentru discutarea diferenţelor dintre oameni, vom lăsa un vid care va fi umplut de pseudo-stiintă, un rezultat cu mult mai rău decât cel la care am putea să ajungem discutând în mod deschis.

## PERSPECTIVA REVOLUŢIEI GENOMULUI

în ceea ce priveşte întrebarea dacă categoriile sociale tradiţionale de rasă corespund categoriilor semnificative biologic, revoluţia genomului ne-a oferit deja noi perspective care depăşesc cu mult informaţia care era disponibilă primilor geneticieni populaţionişti şi antropologilor care au abordat această temă. Astfel, datele oferite de revoluţia genomului sunt potenţial eliberatoare, oferind ocazia pentru progres intelectual dincolo de cadrul actual al dezbaterilor.

Nu mai departe de 2012, încă mai părea rezonabil să interpretăm datele genetice umane ca indicând categorii imuabile precum „est-asiatici”, „caucazieni”, „vest-africani”, „nativi americani” şi „australieni”, fiecare dintre aceste grupuri fiind separate, fără a fi suferit amestecuri, timp de zeci de mii de ani. Studiul lui Marc Feldman, din anul 2002, a produs clustere care corespund destul de bine acestor categorii, iar modelul părea să facă treabă bună în descrierea variaţiei în multe părţi ale lumii (cu unele excepţii).[32] în alte lucrări, Feldman şi colegii săi au propus un

model al felului în care ar fi putut să apară acest tip de structură în cadrul populaţiilor umane. Ei au susţinut că oamenii moderni, care s-au răspândit afară din Africa şi din Orientul Apropiat acum aproximativ 50 000 de ani, au lăsat populaţii descendente în drumul lor, care la rândul lor au dat naştere propriilor lor populaţii descendente, în prezent, locuitorii fiecărei regiuni fiind descendenţi direcţi ai oamenilor moderni care au ajuns acolo prima oară.[33] Modelul lor de „fondator în

serie” era mai sofisticat decât cel imaginat de teoreticienii raselor biologice din secolele al XVII-lea şi al XVIII- lea, dar au împărtăşit predicţia că, după ce s-au stabilit, populaţiile umane abia dacă s-au mai amestecat între ele.

Descoperirile oferite de ADN-ul ancestral au demonstrat însă că modelul fondatorului în serie nu se susţine. Astăzi cunoaştem faptul că structura din prezent a populaţiilor nu reflectă structura existentă cu mai multe mii de ani în urmă.[34] în schimb, populaţiile actuale ale lumii sunt amestecuri de populaţii înalt divergente, care nu mai există în formă pură – de exemplu, nord-eurasiaticii străvechi, care au contribuit cu o proporţie mare de moştenire genetică la formarea europenilor de astăzi ca şi la cea a nativilor americani[35], şi multiplele populaţii străvechi din Orientul Apropiat, la fel de deosebite între ele, precum sunt de diferiţi între ei europenii şi est-asiatici de astăzi.[36] Cea mai mare parte a populaţiilor de astăzi nu sunt urmaşii exclusivi ai populaţiilor care au trăit în aceleaşi locuri acum 10 000 de ani.

Descoperirea faptului că natura structurii populaţiilor umane nu este aşa cum ne-am fi aşteptat serveşte drept un semnal de avertizare pentru cei care cred că ştiu că adevărata natură a diferentelor

> *dintre populaţiile umane J va corespunde stereotipurilor rasiale. Aşa cum avusesem o imagine greşită a originii oamenilor timpurii, înainte de revoluţia ADN-ului ancestral, care a declanşat o avalanşă de surprize, tot aşa ar trebui să nu avem încredere în bănuielile pe care le avem în legătură cu diferenţele biologice. Nu posedăm încă eşantioane de dimensiuni suficient de mari pentru a desfăşura studii

> convingătoare cu privire la cele mai multe trăsături cognitive şi comportamentale, dar tehnologia este acum disponibilă şi, odată ce studii de înaltă calitate vor fi efectuate – lucru care se va realiza undeva, pe acest Pământ, fie că ne place sau nu –, orice asociere genetică descoperită va fi incontestabilă. Va trebui să facem fată acestor studii şi să reacţionăm în mod responsabil la ele, atunci când vor fi publicate. Putem fi însă deja siguri că vom fi surprinşi de unele dintre rezultate.

Din nefericire, în prezent, există o nouă specie de autori si oameni de stiintă care susţin nu numai că există diferenţe genetice medii, dar şi că le pot ghici, bazându-se pe stereotipurile rasiale tradiţionale.

Persoana care a făcut cel mai recent o afirmaţie

J

deosebită, cum că ar exista o bază genetică pentru stereotipurile referitoare la diferenţele genetice dintre populaţiile umane, este jurnalistul Nicholas Wade, de la *New York Times,* care în 2014 a publicat A *Troublesome Inheritance: Genes, Race and Human History.*[37] Tema constantă a relatărilor lui Wade este predilecţia cercetătorilor din lumea academică de a se coaliza în jurul teoriilor ştiinţifice acceptate şi faptul că ei sunt constant demascaţi de un grup de rebeli care spun adevărul (el este cel care a scris despre frauda ştiinţifică, a descris Human Genome Project ca fiind un monolit care risipeşte banul public şi a atacat valoarea studiilor la nivel de genom pentru găsirea de variaţii genetice care contribuie la creşterea riscul apariţiei unor boli). în *Troublesome Inheritance,* Wade revine cu aceeaşi temă, sugerând că s-a

realizat o alianţă a corectitudinii politice între antropologi şi geneticieni, cu scopul de a reprima adevărul că există diferente semnificative între populaţiile umane şi că aceste diferenţe corespund stereotipurilor clasice legate de rasă. O parte a argumentării sale conţine ceva adevăr – Wade evidenţiază corect problema unei comunităţi academice care încearcă să impună o doctrină neverosimilă. Cu toate acestea, „adevărul” pe care îl prezintă în opoziţie, ideea că nu numai că există diferenţe substanţiale, dar că acestea corespund probabil stereotipurilor rasiale tradiţionale, nu are niciun merit. Cartea lui Wade combină conţinut ştiinţific convingător cu părţi care sunt în întregime speculative, prezentând totul cu aceeaşi autoritate şi cu acelaşi ton, astfel încât cititorii naivi, care acceptă părţile sale bine argumentate, sunt tentaţi să accepte şi restul. Mai rău de atât, atunci când compari cartea cu scrierile anterioare ale lui Wade, în care rebelii care spun adevărul ar fi savanţi ai creativităţii şi împlinirii, el nu numeşte niciun savant serios din domeniul geneticii care să-i susţină speculaţiile.[38] Şi totuşi, celebrându-i pe cei care s-au opus doctrinei defectuoase, sugerează în mod greşit că teoriile alternative ale acestora trebuie să fie adevărate.

Ca exemplu al speculaţiilor cărora Wade le acordă girul său, unul dintre capitolele sale se concentrează pe un eseu scris în 2006, de Gregory Cochran, Jason Hardy şi Henry Harpending, sugerând că valoarea medie crescută a IQ-ului la evreii aşkenazi (mai mult de o abatere standard peste media mondială) şi raportul disproporţionat al numărului de

laureaţi ai Premiului Nobel (de aproape o sută de ori mai mare decât media generală) ar putea să reflecte selecţia naturală datorată istoriei milenare în cursul căreia evreii au practicat cămătăria (creditarea cu bani), o profesie care necesita scrisul şi calculul matematic.[39] Aceştia au subliniat, de asemenea, rata ridicată a bolilor Tay Sachs şi Gaucher la evreii aşkenazi, care sunt datorate unor mutatii care afectează stocarea lipidelor în creier şi care, au speculat ei, creşte ca frecvenţă sub presiunea selecţiei pentru acele variaţii genetice care contribuie la inteligenţă (ei au susţinut că aceste mutaţii pot fi benefice atunci când apar într-o singură copie, spre deosebire de cazul în care apar în două copii şi provoacă apariţia bolilor). Acest argument este contrazis de dovada că aceste boli, aproape sigur, se datorează unui ghinion întâmplător – faptul că, în timpul gâtuirii populaţionale medievale care i-a afectat pe evreii aşkenazi, numărul mic de indivizi care au avut multi urmaşi

purtau, întâmplător, aceste mutaţii[40] –, dar, cu toate acestea, Wade citează ca dovadă a afirmaţiilor sale articolul, în care se argumentează că acest lucru *ar putea fi* corect. Harpending a mai făcut şi în trecut speculaţii fără dovezi cu privire la cauzele diferenţelor comportamentale dintre populaţii. într-o prelegere pe care a susţinut-o la o conferinţă din 2009, cu tema „Preserving Western Civilization” (Conservarea civilizaţiei occidentale – n. tr.), el a afirmat că oamenii cu descendentă africană subsaharianã nu au înclinaţia de a munci, atunci când nu trebuie

să o facă – „Nu am văzut pe nimeni din Africa să aibă vreun hobby”, spunea el – deoarece, considera el, africanii subsaharieni nu au trecut, în ultimele mii de ani, prin acel tip de selecţie naturală care să favorizeze munca asiduă, aşa cum sa întâmplat cu eurasiatici.[41]

Wade a evidenţiat, de asemenea, şi cartea economistului Gregory Clark, *A Farewell to Alms,* sugerând că motivul pentru care Revoluţia Industrială a luat avânt în Marea Britanie, înainte de oricare alt loc, a fost rata relativ ridicată a natalităţii în rândul oamenii înstăriţi, în precedentele cinci secole, comparativ cu cea în rândul oamenilor mai puţin avuţi. Clark susţine că această ratăcrescută a natalităţii a răspândit în populaţie trăsăturile necesare apariţiei capitalismului, incluzând individualismul, răbdarea şi capacitatea de a munci ore la rând.[42] Clark recunoaşte că nu poate face o deosebire între transmiterea genelor şi transmiterea culturală de la o generaţie la alta, dar Wade preia ideea lui Clark prezentând-o ca pe o dovadă că genetica este posibil să fi jucat un rol.

Am acordat un oarecare spaţiu discutării erorilor din cartea lui Wade, deoarece consider că este important să explic că, doar pentru faptul că mulţi oameni de ştiinţă s-au implicat în încercarea de a menţine vie o doctrină neplauzibilă, acest lucru nu înseamnă că oricare „eretic” neconformist are dreptate. Şi totuşi, Wade sugerează exact acest lucru. El scrie, „Fiecare dintre civilizaţiile majore a dezvoltat instituţiile adecvate circumstanţelor si supravieţuirii

J J J A J

sale. Dar aceste instituţii, deşi sunt puternic

impregnate de tradiţiile culturale, se sprijină pe un fundament al comportamentului uman modelat genetic. Iar atunci când o civilizaţie produce o serie distinctă de instituţii, care se menţin timp de multe generaţii, acesta este un semn al prezenţei unui şir de variaţii la nivelul genelor care influenţează comportamentul social uman.”[43] Wade insinuează, în scris, că ideile rasiste populare cu privire la diferenţele care există între populaţii au un oarecare temei.

Wade nu este nici pe departe singura persoană convinsă că deţine adevărul despre diferenţele dintre populaţii. La aceeaşi conferinţă din 2010, despre „DNA, Genetics, and the History of Mankind” (ADN- ul, genetica şi istoria omenirii – n. tr.), unde l-am întâlnit prima dată pe Wade, am sesizat un freamăt în spatele meu şi, când m-am întors, am fost şocat să- 1 văd pe James Watson, cel care, în 1953, a fost coautor la descoperirea ADN-ului. Watson fusese, până în urmă cu câţiva ani, directorul laboratorului Cold Spring Harbor, unde se ţinea conferinţa. Cu un secol în urmă, laboratorul fusese epicentrul mişcării eugenice în Statele Unite, contabilizând trăsături ale multor persoane pentru a ajuta la o reproducere selectivă şi pledând pentru o legislaţie, care a trecut în multe state, pentru sterilizarea persoanelor considerate defecte şi combaterea unei degradări percepute a fondului genetic. A fost deci ironic faptul că Watson a fost forţat să se retragă de la conducerea Cold Spring Harbor, după ce a fost citat, într-un interviu acordat ziarului englezesc *Sunday Times,* că ar fi spus

că era „în mod inevitabil sceptic cu privire la şansa Africii”, adăugând că „[toate] politicile publice se bazează pe faptul că inteligenţa lor este la fel ca a noastră – în timp ce toate testele arată că lucrurile nu stau aşa”[44]. (Nu există nicio dovadă genetică în favoarea acestei afirmaţii.) Când l-am văzut pe Watson la Cold Spring Harbor, acesta s-a aplecat către mine şi Beth Shapiro, care-mi stătea alături, şoptindu-ne ceva de genul „Când aveţi de gând să vă daţi seama de ce voi, evreii, sunteţi cu atât de mult mai inteligenţi decât toţi ceilalţi?” Apoi a adăugat că evreii şi brahmanii indieni aveau performanţe înalte datorită avantajelor genetice, conferite de mii de ani de selecţie naturală, pentru a deveni savanţi. A continuat să spună în şoaptă că indienii, din experienţa lui, erau, de asemenea, şi servili, în mare parte, deoarece s-au aflat sub colonizatorii britanici şi specula că această trăsătură s-a menţinut, fiind selectată de sistemul de caste. A mai vorbit despre modul în care studenţii est-asiatici au tendinţa de a fi mai conformişti, datorită selecţiei pentru conformare din cadrul societăţii chinezeşti antice.

Plăcerea pe care o găseşte Watson în a contesta punctele de vedere consacrate este legendară. Indisciplina sa poate să fi fost importantă pentru succesul său ca om de stiintă. Dar acum, la vârsta de 82 de ani, rigoarea sa intelectuală dispăruse, iar ceea ce a rămas era dorinţa de a-şi emite impresiile, fără a le supune măsurătorilor care i-au caracterizat cercetarea ştiinţifică a ADN-ului.

Scriind acum, tresar la gândul că Watson

sau Wade sau înaintaşii lor s-ar afla în spatele meu. Istoria ştiinţei a demonstrat, din nou şi din nou, pericolul de a te încrede în instinctele tale sau de a fi condus de prejudecăţile tale – de a fi prea convins că ştii care este adevărul. Din eroarea de a gândi că soarele se învârte în jurul Pământului, că descendenţa umană sa separat de cea a maimuţelor antropoide cu milioane de ani în urmă şi că structura populaţiei umane actuale are o vechime de 50 000 de ani, când, în realitate, cunoaştem că a fost modelată prin amestecul de populaţii petrecut în mare parte acum 5 000 de ani – din toate aceste erori si multe altele ar trebui să învăţăm să fim precauţi şi să nu ne bazăm pe bănuielile noastre sau pe aşteptările stereotipe ale celor din jur. Dacă putem avea încredere în ceva, acest lucru este că, indiferent ce diferenţe credem că percepem, aşteptările noastre sunt greşite, în cea mai mare parte. Ceea ce face ca declaraţiile lui Watson şi Wade şi Harpending să fie rasiste este modul în care sar de la observaţia conform căreia comunitatea academică neagă posibilitatea existenţei unor diferenţe plauzibile la pretenţia, nesusţinută de nicio dovadă ştiinţifică[45], că ei ştiu care sunt acele diferenţe şi că diferenţele respective corespund stereotipurilor populare vechi – o convingere care este în mod garantat greşită.

Adevărul este că, la această oră, nu cunoaştem care va fi natura sau direcţia diferentelor codificate genetic dintre populaţii. Un exemplu este supra- reprezentarea extremă a persoanelor cu origine vest-africană în rândul sprinterilor de elită. Toţi

bărbaţii Analişti la cursele olimpice de 100 m, din 1980 încoace, chiar şi cei proveniţi din Europa sau America, au o descendenţă vest-africană recentă.[46] Ipoteza genetică cea mai frecvent invocată pentru a explica acest lucru este aceea că ar fi existat, datoritä selecţiei naturale, o modificare în sensul creşterii mediei abilităţilor de alergare rapidă a oamenilor de origine vest-africană. O mică creştere a mediei nu pare să însemne mare lucru, dar poate face o mare diferenţă la nivelul extremelor unei abilităţii foarte ridicate – de exemplu, o creştere cu 0,8 a abaterii standard a mediei abilităţilor de sprintare la vest- africani ar fi de aşteptat să ducă la o creştere de o sută de ori a proporţiei de indivizi care să fie deasupra punctului 99,99999 al funcţiei de repartiţie la europeni. Dar o explicaţie alternativă, care ar prezice aceeaşi amploare a efectului, este că pur şi simplu există mai multă variabilitate în abilitatea indivizilor de origine vest-africană de a sprinta – cu mai multi indivizi atât cu abilităţi foarte ridicate, cât şi cu abilităţi foarte scăzute.[47] O răspândire mai largă a abilităţilor în jurul aceleiaşi medii si o creştere de o sută de ori, la vest-africani, a proporţiei de oameni plasaţi deasupra punctului de 99,99999% găsit la europeni este, de fapt, exact lucrul la care te poţi aştepta dată fiind diversitatea genetică cu aproximativ 33% mai mare a vest-africanilor comparativ cu europenii.[48] Dacă aceasta explică sau nu dominanţa vest-africanilor în cursele de viteză, pentru numeroase alte trăsături biologice – inclusiv cele cognitive – ar fi de

aşteptat să întâlnim o proporţie mai mare printre africanii subsaharieni cu capacităţi extreme, predictibile genetic.

Aşadar, cum ne-am putea pregăti pentru eventualitatea în care, în anii ce vor urma, studiile genetice vor arăta că trăsături comportamentale sau cognitive sunt influenţate de variaţiile genetice şi că aceste trăsături diferă, în medie, între populaţiile umane, atât în ceea ce priveşte valoarea medie, cât şi variaţia din cadrul populaţiei? Chiar dacă încă nu cunoaştem care vor fi aceste diferente, trebuie mai degrabă să găsim un nou mod de a gândi, care să se poată acomoda acestor diferenţe, decât să negăm categoric că diferenţe de acest fel pot exista şi astfel să ne lăsăm prinşi pe picior greşit, fără nicio strategie, odată ce vor fi descoperite.

Ar fi tentant acum, în zorii revoluţiei genomului, să ne poziţionăm de partea unei noi platitudini reconfortante, invocând istoria amestecurilor repetate din trecutul uman ca argument pentru care diferenţele inter-populaţionale ar fi lipsite de semnificaţie. Dar o astfel de poziţie este greşită, de parcă, dacă am alege doi oameni la întâmplare, dintre cei care trăiesc astăzi, am afla că mare parte dintre genealogiile populaţionale care au contribuit la genomul lor au trăit izolate unele de altele, suficient de mult timp, încât probabilitatea de a fi apărut diferenţe biologice substanţiale între ei să fie amplă. Modalitatea corectă de a face faţă descoperirii inevitabile de diferenţe substanţiale între populaţii, este aceea de a realiza că existenta lor nu ar trebui să afecteze felul în care ne

comportăm. Ca societate, ar trebui să ne angajăm să acordăm tuturor drepturi egale, în ciuda diferenţelor care există între indivizi. Dacă aspirăm să-i tratăm pe toţi cu respect, indiferent de extraordinarele diferente care există

*

între indivizii unei populaţii, nu ar trebui să fie cu mult mai dificil să ne obişnuim cu diferentele mici, dar semnificative între trăsăturile generale ale populaţiilor.

Pe lângă imperativul de a acorda tuturor acelaşi respect, este important şi să reţinem că există o mare diversitate a trăsăturilor umane, care nu includ numai trăsături cognitive şi comportamentale, dar şi trăsături din aria abilităţilor atletice, a abilităţilor manuale si a capacităţilor de interacţiune socială si empatie. Pentru cele mai multe trăsături, gradul de variaţie dintre indivizi este atât de mare, încât oricare persoană dintr-o populaţie poate excela în privinţa oricărei trăsături, indiferent de populaţia sa de origine, chiar dacă anumite populaţii au valori medii diferite datorită amestecului genetic şi influenţelor culturale. Pentru cele mai multe trăsături, efortul întreţinut şi mediul propice sunt suficiente pentru a permite unei persoane cu o performanţă prognozată genetic a fi mai scăzută, într-un anumit domeniu, să exceleze comparativ cu cei cu o performanţă prognozată genetic a fi superioară. Din cauza caracterului multidimensional al trăsăturilor umane, a marilor variaţii care există între indivizi si a gradului în care efortul şi condiţiile de dezvoltare pot compensa dotarea genetică,

singura modalitate judicioasă de abordare este aceea de a considera fiecare persoană şi fiecare populaţie ca pe o realizare extraordinară a geniului nostru uman şi de a acorda fiecărei persoane toate şansele pentru a reuşi, indiferent de combinaţia genetică particulară pe care se întâmplă să o posede.

Pentru mine, răspunsul natural la această provocare este acela de a învăţa din exemplele oferite de diferenţele biologice care există între masculi şi femele. Diferenţele dintre cele două sexe sunt, de fapt, mult mai profunde decât cele care există între populaţiile umane, reflectând peste o sută de milioane de ani de evoluţie si adaptare. Bărbaţii si femeile diferă prin cantităţi imense de material genetic – un cromozom Y pe care bărbaţii îl au, iar femeile, nu şi un al doilea cromozom X, pe care femeile îl au, iar bărbaţii, nu. Majoritatea oamenilor acceptă faptul că diferenţele biologice dintre bărbaţi şi femei sunt profunde şi că acestea contribuie la diferentele medii în privinţa dimensiunilor si a forţei fizice, cât şi în privinţa temperamentului şi comportamentului, chiar dacă există întrebări despre gradul în care diferenţele particulare sunt influenţate de aşteptările sociale şi de educaţie (de exemplu, multe locuri de muncă din industrie şi profesii pe care femeile le îndeplinesc, în număr mare, astăzi, erau practicate de puţine femei în secolul trecut). Astăzi aspirăm atât să recunoaştem că diferenţele biologice existentă, cât şi să acordăm aceleaşi libertăţi şi oportunităţi fiecăruia, indiferent de aceste diferenţe. Este evident, din inegalităţile medii profunde, care

persistă între femei şi bărbaţi, că împlinirea acestor aspiraţii reprezintă o provocare, dar, cu toate acestea, este important să ne obişnuim şi chiar să acceptăm diferenţele reale care există, luptându-ne, în acelaşi timp, să ajungem într-un loc mai bun.

Adevărata crimă a rasismului, în cele din urmă, este judecarea indivizilor după un presupus stereotip al grupului lor – ignorarea faptului că, atunci când sunt aplicate anumitor persoane, stereotipurile sunt aproape întotdeauna înşelătoare. Afirmaţii de tipul „Eşti negru, deci probabil că ai ureche muzicală” sau „Eşti evreu, deci probabil că eşti isteţ” sunt, fără îndoială, foarte dăunătoare. Fiecare este o persoană unică, cu puterile şi slăbiciunile sale, şi ar trebui tratată ca atare. Să presupunem că sunteţi antrenorul unei echipe de atletism, iar un tânăr vine şi cere să încerce să participe la cursa de 100 m, în care indivizii cu o origine vest-africană sunt statistic mult supra-reprezentaţi, sugerându-se posibilitatea ca genetica să joace un rol. Pentru un antrenor bun, rasa nu are relevanţă. Testarea vitezei de alergare a tânărului este simplă – îl pui să alerge pe teren contra cronometru. Cele mai multe situaţii sunt de acest fel.

## O NOUĂ BAZĂ A IDENTITĂŢII

Revoluţia genomului reprezintă, în realitate, o forţă mult mai eficientă pentru a ajunge la o nouă înţelegere a diferenţelor şi identităţii umane – pentru înţelegerea locului nostru personal în lumea din jurul nostru – decât

pentru promovarea vechilor credinţe care, aproape întotdeauna, sunt greşite.

Pentru a înţelege puterea revoluţiei genomului în des-fiinţarea vechilor stereotipuri legate de identitate şi pentru construirea unei baze noi pentru identitate, să ne gândim la modul în care evidenţierea amestecurilor repetate din istoria umanităţii a distrus aproape toate argumentele care obişnuiau să fie folosite pentru susţinerea unui naţionalism bazat pe biologic. Ideologia nazistă a existenţei unei rase „pure” ariene, vorbitoare de limbă indo-europeană, cu rădăcini adânci în Germania, trasabilă prin artefactele culturii ceramicii cordate, a fost spulberată de descoperirea faptului că oamenii care foloseau aceste artefacte au venit, printr-o migraţie în masă, din stepa rusă, un loc pe care naţionaliştii germani l-ar fi dispreţuit ca sursă.[49] Ideologia Hindutva, conform căreia nu au existat contribuţii majore la cultura indiană din partea migranţilor veniţi din afara sudului Asiei, este demontată de faptul că aproximativ jumătate din moştenirea genetică a indienilor de astăzi provine din valuri multiple de migraţie în masă din Iran şi din stepa eurasiatică, din ultimii 5 000 de ani.[50] în acelaşi mod, ideea că tutsi din Rwanda si Burundi au o moştenire genetică provenită de[5] la agricultorii[*] vest-eurasiatici, iar hutu, nu – o idee care a fost integrată în argumentele în favoarea genocidului[51] – este un nonsens. în prezent, cunoaştem faptul că aproape toate grupurile care trăiesc astăzi sunt rezultatul unor amestecuri repetate de populaţii, care au avut

loc de-a lungul a mii şi zeci de mii de ani. Amestecul face parte din natura umană şi nicio populaţie nu este – sau nu ar putea fi – „pură”.

Cei care nu sunt oameni de ştiinţă au realizat deja capacitatea revoluţiei genomului de a genera noi poveşti. Afro-americanii s-au aflat în fruntea acestei mişcări. în timpul comerţului cu sclavi, africanii au fost dezrădăcinaţi şi lipsiţi, în mod forţat, de cultura lor, ceea ce a avut drept efect pierderea religiei, limbii si tradiţiilor strămoşilor lor, în decursul câtorva generaţii. în 1976, romanul *Roots,* al lui Alex Haley, a folosit literatura pentru a începe revendicarea rădăcinilor pierdute prin povestirea odiseei sclavului Kunta Kinte si a urmaşilor săi.[52] Urmând acest exemplu, profesorul de literatură Henry Louis Gates Jr., de la Harvard, a valorificat potenţialul studiilor genetice de a recupera rădăcinile pierdute ale afro- americanilor. în seria sa de televiziune, *Faces of Americans,* şi în serialul *Finding Your Roots* care i-a urmat, îi declara violoncelistului Yo-Yo Ma, care este capabil să-şi stabilească genealogia până în China secolului al XlII-lea, că Gates, ca afro-american, nu va sti niciodată cum e să simţi acest lucru, dar a arătat că genetica poate oferi perspective informative bogate chiar şi în cazul afro-americanilor care au o cunoaştere limitată a genealogiei lor.[53]

A răsărit o nouă industrie de „testare a genealogiei personale” pentru a valorifica potenţialul revoluţiei genomului de a oferi o bază pentru noi poveşti şi de a compara genomurile consumatorilor cu altele care au

fost deja testate. Programele de televiziune pe care le-a produs Gates s-au construit în jurul ideii trasării genealogiilor şi ADN-ului unor invitaţi celebri, folosind relatarea poveştilor personale ale unor celebrităţi pentru a-i ajuta pe telespectatori să înţeleagă capacitatea datelor genetice de a evidenţia trăsăturile din trecutul familiei lor, despre care altfel nu ar fi avut cunoştinţă. De exemplu, programele au dezvăluit relaţii neştiute, profunde, între perechile de invitaţi (strămoşi comuni în ultimele câteva sute de ani). Au folosit, de asemenea, teste genetice pentru a determina nu numai continentele în care au trăit strămoşii lor, dar şi regiunile din cadrul acelor continente.

Ca persoană de culoare albă în Statele Unite, cu istoria privării forţate a populaţiilor de rădăcinile lor, cred că oricine – afro-americani si mai ales nativi americani – are dreptul să încerce să folosească datele genetice pentru a-şi completa piesele lipsă din istoria familiei sale. Cu toate acestea, pentru cei care presupun că testarea genealogiei personale are vreo valoare ştiinţifică, este important să se ţină seama de faptul că multe rezultate sunt uşor de interpretat în mod eronat şi că rareori cuprind avertizările pe care oamenii de ştiinţă le atribuie descoperirilor provizorii.

Unele dintre cele mai bune exemple vin din industria care s-a dezvoltat pentru a oferi rezultate genetice afro-americanilor. 0 companie este African Ancestry, care le oferă clienţilor informaţii cu privire la tribul vest-african şi regiunea în care tipurile lor de

cromozom Y si de ADN mitocondrial sunt cel mai

frecvent întâlnite. Aceste rezultate sunt uşor de suprainterpretat, deoarece frecvenţele tipurilor de cromozom Y şi ADN mitocondrial sunt prea asemănătoare în Africa de Vest pentru a realiza, cu încredere, localizări exacte. Ca un exemplu, să considerăm un tip de cromozom Y care există cu o frecvenţă uşor mai crescută la grupul etnic Hausa decât la grupurile vecine Yoruba, Mende, Fulani şi Beni. Atunci când African Ancestry trimite rezultatele, poate spune că un bărbat afro-american are cromozomul Y de tipul celui care este cel mai frecvent la Hausa.[54] însă este foarte posibil şi probabil ca adevăratul strămoş să nu fi aparţinut grupului Hausa, deoarece există multe triburi în Africa de Vest si niciunul dintre triburi nu a contribuit cu mai mult decât o fracţiune modestă la descendenta africană a afro-americanilor.[55] Si totuşi, oamenii care au făcut aceste teste rămân deseori cu impresia că îşi cunosc originea. Rick Kittles, un genetician populaţionist, co-fondator al African Ancestry, descrie acest sentiment spunând: „Originea mea pe linie feminină merge înapoi în nordul Nigeriei, teritoriul tribului Hausa. Am mers în Nigeria şi am vorbit cu oamenii de acolo, am aflat despre cultura şi tra-diţiile Hausa. Acest lucru m-a ajutat să- mi fac o idee despre cine sunt."[56] în teorie, testele de descendenţă realizate la nivel de genom sunt mult mai puternice decât testele bazate pe cromozomul Y şi pe ADN-ul mitocondrial. Dar în prezent, nici chiar metodele de testare la nivel de

genom nu sunt suficient de bune pentru a oferi informaţii de înaltă rezoluţie cu privire la locul din Africa unde au trăit strămoşii unei persoane afro-americane, în parte deoarece bazele de date ale populaţiilor actuale din Africa de Vest nu sunt suficient de complete. Mult mai multe cercetări trebuie făcute pentru a face posibilă efectuarea de studii de acest fel cu o oarecare precizie.

Un alt motiv de frustrare pentru afro-americani ar putea fi că transformările culturale care au apărut după ce sclavii africani au ajuns în America de Nord au fost atât de mari, încât astăzi există puţine diferente între afro-americani referitor la locurile din Africa de unde au provenit strămoşii lor. Africanii dintr-o anumită parte a continentului au fost vânduţi şi amestecaţi cu cei proveniţi din alte regiuni, astfel încât, în decursul câtorva generaţii, marea diversitate culturală şi variaţiile genetice care existau între primii sclavi s-au estompat, devenind de nerecunoscut. Omogenizarea aproape completă a moştenirii africane care a avut loc a devenit evidentă într-un studiu nepublicat, pe care l-am realizat în 2012, împreună cu Kasia Bryc, în care am analizat date la nivel de genom provenite de la peste 15 000 de afro-americani din Chicago, New York, San Francisco, Mississippi, Carolina de Nord şi Sea Islands din Carolina de Sud, explorând dacă unele populaţii afro-americane erau mai apropiate de anumiţi vest-africani decât de alţii, după cum ar fi de aşteptat pe baza rutelor eterogene de aprovizionare cu sclavi a Statelor Unite.[57] Era logic să ne aşteptăm la

unele diferenţe. Din cele patru mari porturi în care soseau sclavii, New Orleans a fost aprovizionat mai ales de negustorii de sclavi francezi, în timp ce

Baltimore, Savannah şi Charleston erau alimentate mai ales de britanici, care-i aduceau din diferite părţi ale Africii. Dar ceea ce am descoperit a fost că amestecul strămoşilor vest-africani ai afro

americanilor a fost atât de intens, încât nu am putut detecta nicio diferenţă cu privire la populaţiile africane sursă ale afro-americanilor de pe continentul american. Numai în Sea Islands, în largul coastei Caroline! de Sud, am detectat dovezi ale unei legături speciale cu un loc anume din Africa, în acest caz oamenii din Sierra Leone, locul de origine a limbii cu o gramatică africană pe care locuitorii din gulagul Sea Islands încă o mai vorbesc. Ar fi necesare studii ale ADN-ului ancestral al primei generaţii de sclavi africani pentru a trasa efectiv rădăcinile în Africa.[58]

Problemele rezultatelor oferite uneori de companiile de testare a genealogiilor personale nu se limitează la afro-americani. Este o capcană generală, care derivă din interesele financiare pentru care aceste companii trebuie să ofere clienţilor lor ceea ce par a fi rezultate semnificative. Acest lucru devine o problemă chiar şi pentru cele mai riguroase companii. între 2011 şi 2015, compania de testare genetică 23andMe le-a oferit clienţilor o estimare a proporţiei de moştenire genetică Neanderthaliană, permiţându-le să stabilească o legătură personală cu cercetările care arată că non-africanii moştenesc în

jur de 2% din genomul lor de la

Neanderthalieni.[59] Totuşi, măsurătorile făcute de acest test au fost foarte inexacte, deoarece variaţia reală a proporţiei de ADN Neanderthalian în cadrul celor mai multe populaţii este de numai câteva zecimi de procent, în timp ce testul raportează o variaţie de câteva procente.[60] Mai mulţi oameni mi-au spus, încântaţi, că rezultatele testării descendentei lor Neanderthaliene efectuată

*

de 23andMe îi plasează în fruntea celor câteva procente din populaţia lumii cu acest tip de moştenire genetică, dar din cauza impreciziei testelor, probabilitatea ca persoanele care au primit un scor atât de înalt de la 23andMe să aibă mai mult decât proporţia medie de moştenire genetică Neanderthaliană este doar cu puţin mai mare de 50/50. Am ridicat această problemă membrilor echipei de la 23andMe şi chiar am evidenţiat problemele într-o lucrare ştiinţifică, publicată în 2014.[61] Mai târziu, 23andMe şi-a schimbat raportul şi nu mai face astfel de afirmaţii. Totuşi, compania continuă să ofere clientilor săi un clasament al numărului de mutaţii derivate de la Neanderthalieni, pe care le deţin în genomul lor.[52] Acest clasament, de asemenea, nu oferă dovezi certe că acei clienţi ar fi moştenit mai mult ADN Neanderthalian decât media populaţiei.

Nu toate descoperirile companiilor de evaluare a genealogiei personale sunt greşite şi multe persoane au obţinut, în urma unor astfel de testări, rezultate care pentru ei reprezintă o informaţie satisfăcătoare, mai ales atunci când este vorba de trasarea genealogiilor cărora li s-a pierdut urma. Un exemplu este acela al persoanelor adoptate care-şi caută părinţii biologici. Un altul este legat de localizarea membrilor familiei extinse.

Totuşi, din punctul meu de vedere, nu găsesc că această abordare este satisfăcătoare. în timp ce mă pregăteam pentru scrierea acestei cărţi, m-am gândit dacă să-mi trimit ADN-ul unei companii de

testare personală sau să-l studiez în propriul meu laborator, iar apoi să descriu rezultatele, imitând abordarea multor jurnalişti, care se ocupă de domeniul testărilor genealogiei personale. Dar, sincer să fiu, acest lucru nu mă interesează. Grupul meu de origine – evreii aşkenazi – este deja super-studiat. Sunt convins că genomul meu va fi foarte asemănător cu cel al oricărui alt membru al grupului. Mai curând aş folosi toate resursele pe care le am pentru a secvenţia genomurile persoanelor care sunt insuficient studiate. Sunt, de asemenea, îngrijorat de capcana intelectuală a auto-studierii. Sunt suspicios din principiu cu privire la oamenii de ştiinţă care sunt super-interes aţi de propria lor familie sau cultură. Pur şi simplu le pasă prea mult. în laboratorul meu lucrează cercetători din toate colţurile lumii şi i-am încurajat, fără a avea întotdeauna succes, să aleagă proiecte de studiere a oamenilor care nu aparţin populaţiei lor. Folosirea genomului ca o unealtă cu ajutorul căreia să mă conectez la lumea din jur prin legăturile personale de familie şi trib îmi pare a fi provincială şi nesatisfăcătoare.

Totuşi, ceea ce ne-a oferit revoluţia genomului este o cale chiar mai importantă de a ajunge să înţelegem cine suntem – o cale de a păstra în minte extraordinara diversitate umană care există astăzi si care a existat în trecutul nostru. Problema înţelegerii conexiunilor dintre sine si lume este una fundamentală pentru mine şi mi-a îndrumat interesul de o viaţă pentru geografie, istorie şi biologie. în mod ironic pentru o persoană ca

mine, care nu este deloc religioasă, un exemplu din Biblie este cel care îmi oferă perspectivă asupra modului în care revoluţia genomului poate ajuta la rezolvarea acestei probleme existenţiale.

în fiecare an, de Paştele evreiesc (Pesah), evreii se adună în jurul mesei şi deapănă povestea exodului din Egipt. Sărbătoarea Paştelui evreiesc este importantă pentru evrei, deoarece le readuce aminte de locul lor în lume şi îi încurajează să desprindă învăţăminte despre modul în care ar trebui să se poarte. Această povestire a avut extraordinar de mult succes, măsurabil prin faptul că i-a susţinut pe evrei în identitatea lor, timp de mii de ani, ca o minoritate care trăieşte pe pământuri străine.

Povestea Paştelui începe cu mitul patriarhilor din vechiul Israel: prima generaţie, a lui Avraam şi Sara; a doua, a lui Isaac şi Rebeca; a treia, a lui lacob, Lea, Rahela, Bilha şi Zilpa; şi a patra generaţie, a celor 12 copii de sex masculin (părinţii triburilor Israelului) şi a unei fiice, Dina. Aceşti oameni sunt mult prea îndepărtaţi de imensele populaţii de astăzi pentru a părea conectaţi în mod semnificativ la prezent. Procedeul literar care leagă această familie străveche cu mulţimea de familii care au urmat este Iosif, unul dintre fiii lui lacob, care este vândut de fraţii săi ca sclav în Egipt şi care ajunge să ocupe o poziţie de mare forţă. Când foametea loveşte în regiune, restul familiei sale migrează, de asemenea, în Egipt, unde este întâmpinată cu bunăvoinţă de Iosif, în ciuda fărădelegii pe care o comisese asupra

lui. Trec 400 de ani si urmaşii acestei familii se înmulţesc exponenţial, formând o naţiune cu peste 600 000 de bărbaţi adulti si un număr chiar mai mare de femei si copii. Sub conducerea lui Moise, ei rup lanţurile oprimării, rătăcesc zeci de ani şi îşi elaborează codul lor de legi. Apoi se reîntorc pe Tărâmul Făgăduinţei al Strămoşilor lor.

După ce citesc povestea de Paşte, evreii înţeleg în mod intuitiv felul în care membrii populaţiei lor, numărând milioane de oameni, sunt înrudiţi unii cu ceilalţi şi cu trecutul. Povestea le permite evreilor să se gândească la acele milioane de coreligionari ca la nişte rude directe – şi să-i trateze cu egal respect şi seriozitate, chiar dacă nu înţeleg gradul lor exact de înru-dire –, să scape din capcana perceperii lumii din prisma unor familii relativ mici în cadrul cărora au crescut.

Pentru mine, multitudinea de populaţii interconectate care au contribuit la genomul fiecăruia dintre noi oferă o poveste asemănătoare, care mă ajută să înţeleg care este propriul meu loc în lume si mă fereşte de a fi intimidat de numărul enorm de indivizi din specia noastră – imensitatea populaţiei umane numărându-se în miliarde. Poziţia centrală a amestecului în istoria speciei noastre, aşa după cum a fost demonstrată în ultimii câţiva ani de revoluţia genomului, semnifică faptul că noi toţi suntem interconectaţi si că vom continua să ne conectăm unii cu alţii şi în viitor. Această povestire a conexiunilor îmi permite să mă simt evreu, chiar dacă s-ar putea să nu descind direct din strămoşii biblici. Mă simt

american, chiar dacă nu provin din americanii indigeni sau din primii europeni sau africani care s-au stabilit aici. Vorbesc engleza, o limbă care nu a fost vorbită de strămoşii mei, acum o sută de ani. Provin dintr-o tradiţie intelectuală, Iluminismul european, care nu este tradiţia Strămoşilor mei directi. Revendic toate aceste lucruri

ca fiind ale mele, chiar dacă nu au fost inventate de strămoşii mei, chiar dacă nu am o înrudire genetică strânsă cu ele. Ideea nu este aceea a anumitilor noştri strămoşi. Revoluţia genomului ne oferă o istorie comună care, dacă îi acordăm atenţia cuvenită, ar trebui să ne ofere o alternativă la nenorocirile rasismului si naţionalismului si să ne facă să realizăm că avem cu toţii aceleaşi drepturi la moştenirea noastră umană.

# CAPITOLUL 12

# VIITORUL ADN-ULUI ANCESTRAL

## A DOUA REVOLUŢIE ŞTIINŢIFICĂ ÎN ARHEOLOGIE

Prima revoluţie ştiinţifică din arheologie a început în 1949, atunci când chimistul Willard Libby a făcut o descoperire care a transformat pentru totdeauna domeniul şi i-a adus Premiul Nobel, 11 ani mai târziu.[1] El a arătat că, prin măsurarea fracţiunii de atomi de carbon din rămăşiţele organice străvechi,

care conţin 14 nucleoni în loc de mai comunii 12 sau 13, poate determina data la care a intrat pentru prima dată carbonul în lanţul nutritiv. Pe Pământ, izotopul radioactiv $^{14}C$ se formează, în cea mai mare parte, prin bombardarea atmosferei de către razele cosmice, menţinând proporţia tuturor atomilor de carbon de acest tip la un nivel aproximativ de unu la un trilion. în timpul fotosintezei, plantele extrag carbonul din atmosferă si îl transformă în zahar. De acolo, el se integrează în toate celelalte molecule ale vieţii. După ce organismul respectiv moare, jumătate dintre atomii de $^{14}C$ pe care-i conţinea se dezintegrează în $^{14}N$, într-un interval de timp de 5 730 de ani. Asta înseamnă că fracţiunea tuturor atomilor din rămăşiţe străvechi care au 14 nucleoni ? * scade într-un ritm cunoscut, permiţând oamenilor de ştiinţă să determine data la care carbonul a pătruns în organismul viu, atât timp cât această dată este mai mică de aproximativ 50 000 de ani (dincolo de această dată, urinele de $^{14}C$ sunt prea mici pentru a mai putea fi măsurate).

Datarea cu radiocarbon a revoluţionat arheologia, făcând posibilă determinarea vârstei reale a materialelor şi depăşind astfel ceea ce fusese posibil doar prin studierea straturilor de rămăşiţe. Descoperirile făcute de arheologi au fost profunde. în *Before Civilization: The Radiocarbon Revolution and Prehistoric Europe,* Colin Renfrew a descris modul în care datarea cu radiocarbon a demonstrat că preistoria umană se extindea cu mult dincolo de perioadele de timp considerate înainte şi descrie felul în care

revoluţia radiocarbonului a răsturnat presupunerea că toate invenţiile majore din preistoria europeană au fost importate din Orientul Apropiat.[2] în timp ce agricultura şi scrierea au avut, într-adevăr, originea în Orientul Apropiat, inovaţiile în prelucrarea metalelor şi în construcţiile monumentale, de tipul megaliţilor de la Stonehenge, nu proveneau din Egipt sau din Grecia antică. Aceste descoperiri şi multe altele, despre adevărata vârstă a rămăşiţelor străvechi, au dus la o nouă apreciere a culturilor indigene de pretutindeni.

Pătrunderea datării cu radiocarbon în toate aspectele arheologiei este evidentă din cele peste o sută de laboratoare care oferă arheologilor servicii de datare cu radiocarbon a probelor lor şi, de asemenea, din faptul că una dintre deprinderile pe bază pe care arheologii serioşi le dobândesc, în facultăţi, este modul critic în care să interpreteze datările cu radiocarbon. Datarea cu radiocarbon a schimbat chiar sistemul de măsurare a timpului de către arheologi. Vechii chinezi măsurau anii din momentul în care împăraţii se urcau pe tron; romanii au început datarea de la fondarea mitică a oraşului lor; iar evreii, de la data creării lumii, conform Bibliei. în prezent, aproape toată lumea denumeşte anii de dinaintea şi de după presupusa dată a naşterii lui lisus. Pentru arheologi, timpul este acum măsurat prin numărul de ani de dezintegrare radiocativă, înainte de prezent (Before Present – BP, n. tr.), unde prezentul este definit ca fiind anul 1950, anul aproximativ al descoperirii datării

cu radiocarbon de către Libby.

Revoluţia radiocarbonului a transformat disciplina arheologiei într-una care, începând cu anii I960, nu mai era doar o ramură a umanisticii, ci avea, în schimb, rădăcini la fel de puternice în ştiinţe, cu un înalt standard al dovezilor care sunt astăzi necesare pentru susţinerea afirmaţiilor.[3] în perioada care a urmat, multe tehnici ştiinţifice adiţionale au fost adoptate de către arheologi, incluzând flotabilitatea pentru identificarea rămăşiţelor vegetale şi studiul raţiilor altor izotopi atomici, pe lângă cei ai carbonului, pentru determinarea tipului de hrană consumată de oameni si animale si stabilirea

* ? deplasărilor semnificative în teritoriu, în cursul vieţii lor. Noul set de unelte ştiinţifice pe care le aveau acum la dispoziţie arheologii a făcut posibilă analizarea siturilor arheologice pe care le excavau, în moduri care nu fuseseră disponibile generaţiilor anterioare de arheologi şi obţinerea unor perspective mai de încredere.

Este tentant să priveşti ADN-ul ancestral ca fiind încă una dintre noile tehnologii ştiinţifice care au devenit disponibile arheologilor, după revoluţia radiocarbonului, dar asta ar însemna o subestimare, înaintea ADN-ului ancestral, arheologii aveau indicii în legătură cu deplasările populaţiei, bazate pe schimbarea formei scheletelor ancestrale şi pe tipurile de artefacte produse de oameni, însă aceste date erau greu de interpretat. Dar prin secvenţierea întregului genom al oamenilor ancestrali, este posibilă înţelegerea, în foarte mare detaliu, a felului în

care sunt înrudiţi toti aceştia între ei.

Valoarea unei tehnologii revoluţionare este rata cu care dezvăluie surprize; în acest sens, ADN-ul ancestral este mai revoluţionar decât oricare altă tehnologie ştiinţifică anterioară folosită pentru studierea trecutului, inclusiv cea a datării cu radiocarbon. O analogie mai corectă a valorii analizei ADN-ului ancestral este aceea cu invenţia microscopului, din secolul al XVII-lea, care a făcut posibilă vizualizarea lumii microbilor şi a celulelor pe care nimeni nu şi-o imaginase înainte. Când un instrument nou deschide perspective către o lume care nu a fost explorată anterior, tot ceea ce înfăţişează este nou şi surprinzător. Asta este ceea ce se întâmplă acum cu ADN-ul ancestral. Oferă răspunsuri definitive la întrebarea dacă schimbările din arhiva arheologică reflectă mişcări de populaţii sau comunicare culturală. Din nou şi din nou, sunt relevate lucruri la care aproape nimeni nu s-a aşteptat.

## UN ATLAS AL ADN-ULUI ANCESTRAL AL OMENIRII

Până acum, revoluţia ADN-ului ancestral a fost foarte eurocentrică. Din cele 551 de eşantioane de date de ADN ancestral la nivel de genom publicate până în 2017, aproape 90% provin din vestul Eurasiei. Centrarea pe vestul Eurasiei este o reflectare a faptului că Europa este locul unde s-a dezvoltat cea mai mare parte a tehnologiei pentru analiza ADN-ului ancestral şi că, în cea mai mare parte a timpului, arheologii au explorat şi au

descoperit rămăşiţe în Europa. Dar revoluţia ADN-ului ancestral se răspândeşte şi a produs deja câteva descoperiri despre istoria omenirii din afara vestului Eurasiei, cele mai notabile fiind cele legate de popularea Americilor[4] şi a insulelor îndepărtate din Pacific.[5] Având în vedere că progresul tehnologic[6] a făcut posibilă, astăzi, recoltarea de probe ADN ancestral din zonele calde, chiar tropicale, nu am nicio îndoială că, în următorul deceniu, ADN-ul ancestral din Asia Centrală, Asia de Sud, Asia de Est şi Africa va dezvălui surprize la fel de mari. Rezultatul acestui efort va fi construirea unui atlas al ADN-ului ancestral al omenirii, dens eşantionat în spaţiu şi în timp. Acesta va reprezenta o resursă care, cred eu, va rivaliza, din punct de vedere al contribuţiei la cunoaşterea umană, cu primele hărţi ale globului pământesc, realizate între secolele al XV-lea şi al XIX-lea. Atlasul nu va răspunde la toate întrebările legate de istoria populaţiei umane, dar va oferi un cadru, o bază la care ne vom reîntoarce întotdeauna, atunci când vom studia noi situri arheologice.

Există toate motivele să ne aşteptăm, în anii care vor urma, la o avalanşă de descoperiri majore determinate de ADN-ul ancestral, pe măsură ce acest atlas va fi construit. Unul dintre pragurile-cheie, care abia a fost atins de studiul ADN-ului ancestral, este perioada ultimilor 4 000 de ani. Majoritatea probelor studiate până acum au fost mai vechi, dar cunoaştem, desigur, din documentele scrise ca şi din dovezile arheologice că timpurile mai recente – perioada dezvoltării scrisului, a stratificării sociale complexe şi a imperiilor –

au fost extraordinar de bogate în evenimente. Bagajul de date provenite din ADN-ul ancestral, chiar şi cele referitoare la vestul Eurasiei, arată ca o autostradă suspendată, aflată încă în construcţie, care se termină în aer, neconectând populaţiile din trecut cu cele din prezent. Folosirea ADN-ului pentru a afla ce s-a întâmplat în această perioadă va duce la completarea cunoştinţelor pe care le avem de la celelalte discipline.

Pentru a uni ultimii 4 000 de ani, pentru a conecta trecutul cu prezentul, nu este suficient să colectăm pur şi simplu date despre ADN-ul ancestral din perioadele recente. Metodele statistice care au funcţionat atât de bine pentru studierea perioadelor mai vechi devin inutile atunci când avem de analizat perioade mai recente. În special, metodele bazate pe testul celor patru populaţii îşi datorează forţa măsurării proporţiilor de moşteniri genetice de la populaţiile înalt diferenţiate – descendenţele foarte diferite acţionează ca o substanţă de contrast ale cărei proporţii schimbătoare pot fi urmărite. Cu toate acestea, în Europa, unde s-au făcut, până acum, cele mai mari progrese în domeniul ADN-ului ancestral, cunoaştem faptul că, acum aproximativ 4 000 de ani, multe populaţii erau deja foarte asemănătoare cu populaţiile de astăzi în privinţa compoziţiei lor genetice.[7] De exemplu, în Marea Britanie, cunoaştem că, începând de acum 4 500 de ani, odată cu oamenii care-şi îngropau morţii alături de vasele ceramice cu gâtul larg aparţinând culturii vaselor-clopot, britanicii antici aveau un amestec genetic foarte

asemănător cu cel al britanicilor de astăzi.[8] Totuşi, ar fi o greşeală să tragem de-aici concluzia că britanicii de astăzi sunt descendenţi puri ai populaţiei vaselor- clopot. în realitate, populaţia Marii Britanii s-a transformat în urma unor valuri succesive de migraţii ale unor oameni veniţi de pe continent, care erau asemănători genetic cu oamenii asociaţi mormintelor specifice culturii vaselor-clopot. Metode noi, mai precise, sunt necesare pentru a determina cât de mult din moştenirea genetică a Marii Britanii provine din aceste valuri ulterioare.

Pentru a răspunde acestei provocări, geneticienii statisticieni dezvoltă o nouă clasă de metode care fac posibilă identificarea amestecurilor şi migraţiilor chiar şi în cazul populaţiilor care sunt foarte asemănătoare în privinţa compoziţiei lor ancestrale profunde. Secretul constă în îndreptarea atenţiei asupra istoriei comune *recente* a populaţiilor analizate în loc de istoria comună *străveche.* Atunci când sunt analizate la un loc un număr suficient de mare de probe, este posibil să se găsească segmente ale genomului în care perechi de indivizi să aibă în comun un strămoş apropiat, în decursul ultimelor aproximativ 40 de generaţii, iar prin concentrarea pe aceste segmente ale genomului, putem afla ce s-a întâmplat în istoria umană în acest interval de timp (în jur de aproximativ 1 000 de ani).[9] Având în vedere numărul mic de probe disponibile până acum în studierea ADN-ului ancestral, aceste metode nu au fost deosebit de utile, deoarece doar perechile rare de indivizi sunt

suficient de îndeaproape înrudite pentru a avea segmente lungi de ADN identic. Dar pe măsură ce creste numărul de indivizi de la care deţinem probe de ADN, numărul de perechi pe care le putem analiza pentru a detecta înrudirea creşte şi el odată cu pătratul numărului de probe. în ritmul cu care se obţine astăzi ADN-ul ancestral, este rezonabil să ne aşteptăm ca, în câţiva ani, un singur laborator, cum este al meu, să producă date la nivel de genom provenite de la mii de oameni străvechi, în fiecare an. Acest lucru va permite alcătuirea unei cronici detaliate a modului în care s-au schimbat populaţiile umane în ultimul mileniu.

Forţa acestei abordări se poate deja vedea într-un studiu din 2015, „The People of the British Isles”, care a eşantionat peste 2 000 de indivizi din Marea Britanie a zilelor noastre, ai căror bunici se născuseră toţi în cadrul unui areal geografic nu mai mare de 80 de kilometri.[10] Studiul a descoperit că, după standardele convenţionale, populaţia britanică a fost foarte omogenă. De exemplu, măsura clasică a diferenţierii genetice dintre două populaţii britanice este de aproximativ o sută de ori mai mică decât aceeaşi măsurare a diferenţierii dintre populaţii, comparând europenii cu est-asiaticii. în ciuda omogenităţii, autorii au putut să grupeze populaţia britanică în 17 grupuri clar definite, prin căutarea grupurilor în care toate perechile de indivizi aveau rate crescute de Strămoşi comuni recenti. Fixând poziţia acestora pe o hartă, ei au observat extraordinara structurare genetică, ce a

persistat în ciuda faptului că oamenii s-au mişcat încolo şi încoace, în mod continuu, în teritoriul britanic, în ultima mie de ani, proces care ar fi fost de aşteptat să omogenizeze populaţia. Limitele grupurilor marchează graniţele dintre comitatele sud-vestice Devon şi Cornwall; Insulele Orkney din largul coastei Scoţiei; un grup în mare parte nediferenţiat, care traversează Marea Irlandei şi care reflectă migraţia protestanţilor scoţieni în Irlanda de Nord, în decursul ultimelor câteva sute de ani; iar în interiorul Irlandei de Nord, două grupuri distincte şi foarte puţin amestecate, care corespund în mod sigur populaţiilor catolice şi protestante, divizate de religie şi de sute de ani de duşmănie sub conducerea britanică. Succesul acestei analize, efectuate doar pe oamenii din ziua de astăzi, dă speranţe că această abordare se poate extinde si la esantioanele care sunt mai vechi. în

[5] »

laboratorul meu, am generat deja date la nivel de genom, provenite de la peste 300 de britani antici. Co-analizând aceste date cu britanii de astăzi, inclusiv cu cele din studiul „People of the British Isles”, ne aşteptăm să putem conecta punctele dintre trecut şi prezent în această mică parte a lumii.

Studiile asupra ADN-ului ancestral cuprinzând eşantioane mari oferă, de asemenea, promisiunea de a putea estima dimensiunile populaţiei umane în diferite momente din trecut, un subiect în legătură cu care aproape că nu avem nicio informaţie fiabilă din perioada anterioară invenţiei scrisului, dar care este important pentru

înţelegerea nu numai a isto-riei şi evoluţiei oamenilor, ci şi a aspectelor economice şi ecologice. într-o populaţie de multe sute de milioane de indivizi (cum este populaţia han chinezească), o pereche de indivizi aleşi randomial este de aşteptat să aibă foarte puţine sau niciun segment comun de ADN în cuprinsul ultimelor 40 de generaţii, deoarece descind din strămoşi aproape integral diferiţi în această perioadă. în schimb, la o populaţie mică (precum cea a indigenilor din insula Micul Andaman, care are un efectiv de mai puţin de 100 de persoane), toate perechile de indivizi sunt strâns înrudite şi vor dezvălui dovezi ale înrudirii lor prin împărtăşirea multor segmente de ADN. Măsurarea modului în care oamenii sunt înrudiţi a fost utilizată pentru a arăta, în mod corect, că dimensiunea populaţiei Marii Britanii în ultimele câteva sute de ani era de mai multe milioane de indivizi.[11] într-o cercetare care este în desfăşurare, eu şi Pier Palamara am demonstrat că aceeaşi abordare poate fi folosită pentru a arăta că agricultorii timpurii din Anatolia, de acum aproximativ 8 000 de ani, faceau parte din populaţii mult mai mari decât vânător-culegătorii din sudul Suediei, care erau contemporanii lor, aşa cum era de aşteptat în baza densităţii mai mari care poate fi susţinută prin activitatea agricolă. Nu am nicio îndoială că aplicarea acestei abordări ADN-ului ancestral va oferi o perspectivă bogată asupra modului în care populaţiile şi-au schimbat dimensiunile în timp.

## PROMISIUNEA ADN-ULUI ANCESTRAL DE A RELEVA BIOLOGIA UMANĂ

în principiu, ADN-ul ancestral are la fel de multe informaţii de oferit în legătură cu modul în care s-a schimbat biologia umană, pe cât oferă despre migraţia şi amestecul uman. Şi totuşi, în timp ce capacitatea ADN-ului ancestral de a releva transformările populaţionale a reprezentat un succes fulminant, până în prezent, observaţiile în legătură cu biologia umană au fost limitate. Un motiv principal este acela că, pentru a urmări schimbările biologice umane, în timp, trebuie să poţi studia modul în care s-a modificat frecventa mutaţiilor. Dar acest lucru necesită sute de eşantioane, iar până acum, dimensiunea eşantioanelor de ADN ancestral a fost relativ mică, de numai câteva probe din fiecare context cultural. Ce se va întâmpla atunci când vom avea date la nivel de genom de la mii de agricultori europeni care au trăit la scurt timp după tranziţia la agricultură? Comparând rezultatele unei scanări pentru depistarea selecţiei naturale recente la aceşti indivizi cu o scanare a europenilor actuali ar trebui să putem înţelege dacă ritmul şi natura adaptărilor umane s-au schimbat între perioadele premergătoare agriculturii şi perioada de la tranziţia la agricultură. Ar putea fi chiar posibil să se determine dacă selecţia naturală şi-a încetinit ritmul, în ultima sută de ani, din cauza progresului medical, care le-a permis indivizilor cu condiţii genetice care nu le-ar fi favorizat supravieţuirea şi producerea de urmaşi să trăiască şi să procreeze. Exemple

de astfel de condiţii medicale includ vederea slabă, care poate fi acum pe deplin corectată cu ajutorul ochelarilor, sau infertilitatea, care poate fi corectată şi ea prin intervenţii medicale, sau provocările cognitive, care pot fi acum controlate prin medicaţie şi psihoterapie. Este posibil ca această schimbare în privinţa ritmului selecţiei naturale să fi condus la acumularea de mutatii care să contribuie la modificarea acestor trăsături în cadrul unei populaţii.[12]

Capacitatea ADN-ului ancestral de a stabili ritmul în care s-au modificat frecventele unor mutatii

5 >

însemnate din punct de vedere biologic este importantă nu numai pentru că oferă posibilitatea urmăririi evoluţiei unor trăsături specifice, dar şi pentru că oferă o unealtă inexistentă anterior, pe care o putem folosi pentru a înţelege principiile fundamentale ale modului în care acţionează selecţia

3 J

naturală. 0 întrebare fundamentală în biologia evoluţiei umane este dacă această evoluţie se desfăşoară în mod obişnuit prin modificări de amploare ale frecvenţelor mutaţiilor într-un număr relativ mic de poziţii din genom, ca în cazul pigmentării pielii, sau prin modificări mici ale frecvenţelor la un număr foarte mare de mutaţii, cum este cazul înălţimii.[13] înţelegerea însemnătăţii relative a fiecărui tip de adaptare este importantă, dar această întrebare este mai provocatoare atunci când singura unealtă disponibilă este analizarea oamenilor care au trăit cu toţii în aceeaşi perioadă. ADN-ul ancestral depăşeşte acest obstacol – capcana timpului care oferă numai

posibilitatea de a studia prezentul.

Cercetarea ADN-ului ancestral dezvăluie, de asemenea, evoluţia agentului patogen. Când măruntim rămăşiţe umane, uneori întâlnim ADN provenit de la microorganisme care se găseau în sângele respectivei persoane atunci când aceasta a

murit şi care ar putea să fie considerate cauze ale decesului. Această abordare a demonstrat că bacteria *Yersinia pestis* a fost cauza Ciumei Negre din secolele XIV – XVII[14], a ciumei ius-tiniene din Imperiul Roman, din secolele VI-VIII,[15] şi a unei ciume endemice care a fost răspunzătoare de cel puţin 7% din decese la scheletele din mormintele de acum aproximativ 5 000 de ani, răspândite în stepa eurasiatică.[16] Studierea patogenilor străvechi a relevat, de asemenea, istoria şi originea leprei antice[17], tuberculozei antice[18], şi, la plante, cauza crizei cartofului din Irlanda.[19] Studiile asupra ADN- ului ancestral eşantionează acum, în mod regulat, material de la microbii care locuiesc în corpul uman, inclusiv cei din placa dentară şi fecale, oferind informaţii despre hrana pe care o consumau strămoşii noştri.[20] Suntem doar la începutul explorării acestui nou filon de informaţie.

## ÎMBLÂNZIREA VESTULUI SĂLBATIC AL REVOLUŢIEI ADN-ULUI ANCESTRAL

Viteza revoluţiei ADN-ului ancestral este exaltantă.

[3]

Tehnologia se dezvoltă atât de rapid, încât multe dintre lucrările care se publică chiar

acum folosesc metode care vor fi depăşite în câţiva ani. Specialiştii în ADN-ul ancestral se înmulţesc – în propriul meu laborator, de exemplu, au absolvit deja trei doctoranzi care şi-au înfiinţat propriile lor laboratoare de cercetare a ADN-ului ancestral. Tendinţa majoră este specializarea. Pionierii din domeniul ADN-ului ancestral îşi petreceau mare parte din timp călătorind prin lume, în locaţii îndepărtate, vorbind cu arheologii şi cu oficialităţile locale şi întorcându-se cu probe unice, pe care le-au analizat apoi în laboratoarele lor de biologie moleculară. Călătoria în locuri exotice şi goana după obţinerea de probe-cheie sunt esenţiale pentru modul de a face stiintă. Unii dintre cercetătorii din a doua generaţie au adoptat acest model. Dar alţii, inclusiv eu, călătoresc mult mai puţin şi, în schimb, ne petrecem cea mai mare parte a timpului dezvoltând competenţele în tehnici de laborator sau analize statistice îmbunătăţite, obţinând probele pe care le studiem prin parteneriate din ce în ce mai egale cu antropologii şi arheologii.

Laboratoarele de ADN ancestral vor deveni si ele mai specializate. în prezent, noi, cei care lucrăm cu ADN-ul ancestral, avem privilegiul să facem cercetări pe populaţii din întreaga lume şi din perioade foarte largi de timp. Suntem precum Robert Hooke, care şi-a folosit microscopul pentru a descrie o paletă extraordinar de largă de mici obiecte în cartea sa *Micrografia,* sau precum exploratorii de la sfârşitul secolului al XVIII-lea, care navigau în toate colţurile lumii. Dar,

în cel mai bun caz, avem o cunoaştere superficială a fondului istoric, arheologic şi lingvistic al oricărui subiect pe care îl cercetăm, şi pe măsură ce cunoaşterea sporeşte, va fi necesară o înţelegere mai profundă a fiecărei regiuni şi a problemelor specifice asociate acesteia, pentru a progresa. în următoarele două decenii, mă aştept ca în fiecare departament serios de antropologie şi arheologie, ba chiar şi de istorie şi biologie, să fie angajaţi specialişti în ADN-ul ancestral. Profesionişti angajaţi în aceste funcţii vor fi specializaţi în studierea unor regiuni diferite – de exemplu, Asia de Sud-Est sau nord-estul Chinei –, iar cercetările lor nu vor trece de la China la America, la Europa şi la Africa aşa cum o fac cercetările mele din prezent.

ADN-ul ancestral va urma şi el calea specializării şi chiar a profesionalizării atunci când vine vorba de înfiinţarea laboratoarelor care oferă servicii, similare celor care există pentru datarea cu radiocarbon. Laboratoare care oferă servicii de analizare a ADN- ului ancestral vor analiza probe, vor genera date la nivel de genom şi vor oferi rapoarte uşor de interpretat, asemănătoare în mare parte celor furnizate, în prezent, de companiile de testare a genealogiei personale. Rapoartele vor determina specia, sexul şi relaţiile de rudenie şi vor evalua tipul de rudenie dintre indivizii nou studiati si indivizii pentru care există deja date. Cercetătorii care trimit probele spre analiză vor primi o copie electronică a datelor pe care le vor putea folosi după cum doresc, întregul proces nu ar trebui să coste mai mult decât dublul datării cu radiocarbon.

Laboratoarele care oferă servicii vor prolifera, dar cercetătorii care analizează datele pentru a studia istoria populaţiilor nu vor fi niciodată complet înlocuiţi. Arheologii interesaţi să se documenteze cu privire la populaţiile străvechi, folosind ADN-ul, vor avea întotdeauna nevoie de parteneriatul cu ex-perţii în genomică, dacă doresc să folosească tehnologia pentru rezolvarea unor probleme subtile. Obţinerea de informaţii despre sex, specie, legături de rudenie şi strămoşi cu ajutorul ADN-ului ancestral va deveni în cele din urmă o rutină. Dar problemele ştiinţifice mai profunde, care pot fi abordate cu ajutorul datelor provenite din ADN-ul ancestral – cum ar fi, de exemplu, modul în care s-au amestecat şi au migrat populaţiile şi cum s-a produs selecţia naturală în timp – este puţin probabil să fie abordate în mod adecvat prin rapoarte standardizate.

Viitorul laboratoarelor specializate pe ADN-ul ancestral, pe care îl consider atrăgător, se bazează pe un model care a apărut în rândul laboratoarelor de datare cu radiocarbon. De exemplu, Oxford
Radiocarbon Accelerator Unit procesează un număr mare de probe contra cost şi foloseşte acest flux de venituri pentru a susţine un laborator care produce automat programe de datare şi date mai ieftin, mai eficient şi la o calitate superioară celei care s-ar atinge dacă cercetătorii s-ar limita la propriile lor întrebări. Dar apoi, oamenii de ştiinţă se folosesc de forţa teribilă a laboratorului de datare a radiocarbonului pe care l-au construit, pentru a întreprinde cercetări

inovative, cum este studiul condus de Thomas Higham, care a clarificat seria de date cu privire la dispariţia Neanderthalienilor din Europa, arătând că aceştia au dispărut de pretutindeni în decursul câtorva mii de ani de contact cu oamenii moderni.[21] Acesta este, de asemenea, modelul pe care l-am învăţat pe când eram cercetător postdoctoral la Massachusetts Institute of Technology, într-unul dintre cele câteva centre de secventiere care desfăşurau o activitate intensă pentru Human Genome Project, finanţat de către U.S. National Institutes of Health, prin contracte mari de producţie de date. Conducătorul centrului şi îndrumătorul meu, Eric Lander, a profitat de faptul că putea îndrepta forţa centrului său de secvenţiere spre a căuta să rezolve problemele ştiinţifice care-l nedumereau. Acesta este si modelul meu: să construieşti un laborator căruia să-i comanzi apoi să răspundă la întrebări profunde legate de trecut.

## DIN RESPECT PENTRU OSEMINTELE STRĂVECHI

Prima dată am mers în Ierusalim când aveam şapte ani, împreună cu mama, fratele meu mai mare şi sora mea mai mică. Am locuit în acea vară si în vara următoare într-un apartament pe care-l deţinea bunicul meu, într-o zonă săracă, ultraortodoxă, populată de bărbaţi îmbrăcaţi în caftane lungi şi negre şi femei în haine modeste şi cu eşarfe pe cap. Băieţii mergeau la şcoli religioase de dimineaţa până seara, dar vinerea după-amiaza, înainte de Şabat, li se dădea drumul

mai devreme şi se alăturau, deseori, demonstraţiilor politice. în timpul protestelor, dădeau uneori foc tomberoanelor de gunoi şi aruncau cu pietre în poliţişti. îmi aduc aminte că mă uitam la băieţii care alergau cu feţele acoperite şi cu ochii şiroind din cauza gazelor lacrimogene pe care le aruncau poliţiştii înspre ei.

Unele dintre aceste proteste erau orientate împotriva săpăturilor din Cetatea lui David, un loc care se întindea în josul dealului de la poalele Muntelui Templului, situat la sud de Vechiul Ierusalim, şi care acoperă o mare parte a regiunii care a devenit capitala ludeei, acum aproximativ 3 000 de ani. Protestatarii erau supăraţi că săpăturile ar putea deranja mormintele strămoşilor evrei, o posibilitate omniprezentă, atunci când sapi în Israel. Pentru protestatari, deschiderea mormintelor, fie în mod accidental, fie pentru cercetări ştiinţifice, era o profanare.

Oare ce ar gândi aceşti oameni despre activitatea din laboratorul meu, aceea de măcinare a oaselor provenite de la sute de oameni străvechi, în fiecare lună? Probabil că nu le-ar păsa prea mult de probele care nu provin din Israel, dar cred că problema este generală şi m-am surprins reflectând din ce în ce mai mult asupra deschiderii mormintelor şi eşantionării rămăşiţelor oricărui om străvechi. Este posibil ca multi dintre oamenii ale căror oase le studiem noi să nu-si fi dorit ca rămăşiţele lor să fie folosite astfel.

Un argument adus de unii specialişti în ADN-ul ancestral şi arheologi este acela că cele mai multe rămăşiţe pe care le studiem aparţin unor culturi atât de îndepărtate în

timp, încât nu au nicio legătură decelabilă cu oamenii de astăzi. Acesta este standardul codificat în lege, în U.S. Native American Graves Protection and Repatriation Act, care stipulează că rămăşiţele trebuie înapoiate triburilor de nativi americani atunci când există dovezi culturale sau biologice ale legăturii lor cu populaţiile actuale. Cu toate acestea, acest standard este depăşit acum, după exemplul oferit de scheletul vechi de aproximativ 8 500 de ani al omului Kennewick şi scheletul de aproximativ 10 600 de ani găsit în Spirit Cave, care au fost returnate triburilor deşi nu există dovezi culturale sau genetice clare în legătură cu înrudirea acestor schelete cu vreun grup specific care trăieşte astăzi.[22] Pe măsură ce studiem schelete care sunt mai apropiate, în timp, de vremurile noastre, este important să ne gândim la implicaţiile revendicărilor moderne asupra unor rămăşiţe străvechi. Aceste rămăşiţe străvechi sunt rămăşiţe ale unor oameni adevăraţi, a căror integritate fizică nu ar trebui să o încălcăm, decât dacă avem motive întemeiate să o facem.

în anul 2016, m-am decis să cer sfatul unui rabin, care se întâmpla să fie şi fratele mamei mele. El este ortodox, ceea ce înseamnă că urmează pe deplin regulile statuate de tradiţia evreiască orală. Aveam speranţa că s-ar putea să fie deschis la întrebarea mea, deoarece fusese un avocat al adaptării iudaismului ortodox, pe cât posibil, la lumea modernă, respectând în acelaşi timp şi constrângerile regulilor sale fixe, o mişcare de incluziune care s-a numit „ortodoxia

deschisă” – cel mai recent, a organizat un seminar religios în cadrul căruia să pregătească femei ca rabini ortodocşi, un rol din care femeile din comunitatea respectivă fuseseră excluse înainte. I-am spus că în laboratorul meu măcinăm oseminte ale unor oameni străvechi, dintre care mulţi nu ar fi dorit, probabil, ca rămăşiţele lor să fie deranjate şi că simt că nu m-am gândit suficient de mult la acest lucru. A fost evident tulburat si mi-a cerut să-i las ceva timp de gândire. După aceea a revenit cu o povaţă pe care un rabin o dă pentru a îndruma, atunci când nu există precedente stabilite de decizii sau poveţe pe care să le fi formulat alţi rabini înainte. El mi-a spus că toate mormintele umane sunt sacrosancte, dar că există circumstanţe atenuante care fac permisibilă deschiderea unui mormânt, atâta vreme cât această acţiune poate promova înţelegerea şi poate dărâma barierele dintre oameni.

Studierea variaţiei umane nu a fost întotdeauna o forţă a binelui. în Germania nazistă, cineva cu pregătirea mea în interpretarea datelor genetice ar fi fost însărcinat cu catalogarea oamenilor în funcţie de descendenţa lor, dacă acest lucru ar fi fost posibil în anii 1930. Dar în vremurile noastre, descoperirile provenite din ADN-ul ancestral aduc puţină consolare pentru interpretările rasiste sau naţionaliste greşite. în acest domeniu, urmărirea adevărului de dragul adevărului a avut, într-un mod copleşitor, efectul detonării stereotipurilor, dărâmării prejudecăţilor şi sublinierii legăturilor dintre oameni despre care nu se cunoştea înainte că

ar fi înrudiţi. Sunt încrezător că sensul activităţii mele si a colegilor mei este acela de a promova înţelegerea şi salut oportunitatea pe care o avem de a face ce e mai bine pentru oamenii, străvechi şi moderni, pe care am avut privilegiul de a-i studia. Consider că rolul nostru este acela de a facilita utilizarea ADN-ului ancestral într-un domeniu care nu este numai al nostru, al geneticienilor, dar şi al arheologilor şi al
publicului – acela de a realiza potenţialul să extraordinar de a dezvălui cine suntem.

# NOTE REFERITOARE LA ILUSTRAŢII

*9*

Sursa hărţilor. Toate hărţile au fost realizate folosind date de pe site-ul Natural Earth (http://www.naturalcarthdata.com/).

Figura 1. Contururile din figura la sunt bazate pe Figura 2A din L. L. Cavalli-Sforza, P. Menozzi şi A. Piazza, „Demic Expansions and Human Evolution”, *Science* 259 (1993): 639-46. Contururile din figura lb sunt bazate pe interpolarea numerelor prezentate în Figura 3 din W. Haak et al., „Massive Migration from the Steppe Was a Source for Indo-European Languages in Europe”, *Nature* 522 (2015): 207-11. Interpolarea a fost realizată cu ajutorul softului POPSutilities.R al lui E Jay et al., „Forecasting Changes in Population Genetic Structure of Alpine Plants in Response to Global Warming”, *Molecular Ecology* (2012): 2354-68 şi cu parametrii setaţi după recomandările din O. Franţois, „Running Structure-like Population Genetic Analyses with R”, iunie 2016, http://membres-timc.imag.fr/Olivier.Francois/tutoRstructure.pdf.

Figura 2. Graficul reprezintă cei 3 748 de indivizi din baza internă de date a laboratorului autorului, aşa cum era aceasta în 19 noiembrie 2017, grupate după anul în care au devenit disponibile datele.

Figura 4. Numărul de strămoşi genealogici care se presupune că ar fi contribuit la ADN-ul unei persoane care trăieşte astăzi se bazează pe rezultatele simulărilor oferite autorului de Graham Coop. Simulările au fost realizate după cum este descris în G. Coop, „How Many Genetic Ancestors Do I Have”, blogul *gcbias,* 11 noiembrie 2013, https://gcbias.org/2013/ll/ll/how-

does-your-number-of-genetic-ancestors-grow-back-over- time/.

Figura 5. Numărul de mutaţii care apar într-un anumit segment care separă genomul pe care o persoană îl primeşte de la tată de cel pe care îl primeşte de la mamă poate fi folosit pentru estimarea timpului scurs de la momentul când, pentru respectiva locaţie din genom, a existat un strămoş comun. Panelul (2), care se bazează pe analizele raportate în S. Mallick et al., „The Simons Genome Diversity Project: 300 Genomes from 142 Diverse Populations”, *Nature* 538 (2016): 201-6, ilustrează timpul estimat de când a existat cel mai recent strămoş comun mediu, în cazul a 250 de perechi de genomuri non-africane (linia continuă) şi 44 de perechi de genomuri aparţinând unor indivizi din Africa Subsaharianã, măsurat în locaţii egal distanţate din ADN. Panelul (3) prezintă timpul maxim estimat la fiecare locaţie din genomul celor 299 de perechi de genomuri şi se bazează pe analizele aceluiaşi studiu.

Figura 6. Distribuţia aproximativă a Neanderthalienilor este adaptată după Figura 1 din J. Krause et al., „Neanderthals in Central Asia and Siberia”, *Nature* 449 (2007): 902-4.

Figura 7. Numărul de mutaţii partajate se bazează pe comparaţia francez-san-Neanderthalian din tabelul S48 din Materialele Online Suplimentare ale lui R. E. Green et al., „A Draft Sequence of the Neandertal Genome”, *Science* 328 (2010): 710-22.

Figura 8. Ilustraţia se bazează pe datele din Figura 2 din Q. Fu et al., „An Early Modern Human from Romania with a Recent Neander-thal Ancestor”, *Nature* 524 (2015): 21619.

Figura 9. Ilustraţia replasează grafic datele prezentate în Figura 2 din Q. Fu et al., „The Genetic History of Ice Age Europe”. *Nature* 534 (2016): 200-5.

Figura 10. Datele din diagramele radiale provin din coloanele AI şi AK din Tabelul suplimentar 2 din S. Mallick et al., „The Simons Genome Diversity

Project: 300 Genomes from 142 Diverse Populations", *Nature* 538 (2016): 201-6. Fiecare populaţie este reprezentată de o medie a indivizilor din cadrul populaţiei respective. Proporţia de moştenire genetică arhaică este exprimată ca o fracţie a maximului găsit în oricare dintre populaţiile cuprinse în baza de date. Valori mai mici de 0,03 sunt considerate ca fiind 0, iar valori mai mari de 0,97 sunt marcate ca fiind 1. Un subset de 47 de populaţii este reprezentat grafic pentru a evidenţia acoperirea geografică, reducând în acelaşi timp dezordinea vizuală.

Figura 13. Această imagine reprezintă migraţiile în Europa, descrise de Q. Fu et al., „The Genetic History of Ice Age Europe", *Nature* 534 (2016): 200-5. întinderea gheţurilor este redesenată în baza unei figuri online din „Extent of Ice Sheets in Europe", Hartă. *Encyclopaedia Britannica Online,* https://www.britannica.com/place/Scandinavian-Ice- Sheet?oasmId=54573.

Figura 14. Panelul (a) este redesenat pe baza datelor extinse din Figura 4 din W. Haak et al., „Massive Migration from the Steppe Was a Source for IndoEuropean Languages in Europe", *Nature* 522 (2015): 207-11. Panelul (b) şi inserţia acestuia sunt adaptate, cu permisiunea autorilor, după Figura 1 şi Figura 2 din D. W. Anthony şi D. Ringe, „The Indo-European Homeland from Linguistic and Archaeological Perspectives", *Annual Review of Linguistics* 1 (2015): 199-219.

Figura 15. Graficele de dispersie din toate cele trei paneluri se bazează pe analiza componentei principale din Figura Ib din I. Lazaridis et al., „Genetic Origins of the Minoans and Mycenaeans", *Nature* 548 (2017): 214-8. Axele x şi y sunt orientate pentru a se alinia, în mare, cu poziţiile genetice şi geografice.

Figura 16. Diagramele circulare se bazează pe 180 de indivizi din cultura vaselor-clopot pentru care există suficient de multe date ale ADN-ului ancestral pentru a face estimări relativ precise

ale descendenţei legate de stepă. Indivizii sunt grupaţi pe ţările Europei actuale. Datele provin din versiunea revizuită a articolului lui I. Olalde et al., „The Beaker Phenomenon and the Genomic Transformation of Northwest Europe”, *bioRxiv* (2017): doi.org/10.1101/135962.

Figura 17. în panelul (a), contururile familiei de limbi sud- asiatice sunt redesenate pe baza unui grafic din A *Historical Atlas of South Asia,* ed. Joseph E. Schwartzberg (Oxford: Oxford University Press, 1992). în panelul (b), graficul de dispersie se bazează pe analiza componentei principale din Figura 3 din D. Reich et al., „Reconstructing Indian Population History”, *Nature* 461 (2009): 489-94. Axele x şi y sunt orientate pentru a se alinia, în mare, cu poziţiile genetice şi geografice.

Figura 18. Contururile geografice şi datele estimative ale răspândirii culturii grâului şi orzului sunt desenate pe baza unei schite oferită cu amabilitate de Dorian Fuller. Contururile pentru partea vestică a hărţii respectă Figura 2 din E Silva şi M. Vander Linden, „Amplitude of Travelling Front as Inferred From $^{14}C$ Predicts Levels of Genetic Admixture Among European Early Farmers”, *Scientific Reports 7* (2017): 11985.

Figura 19. Calota de gheaţă nord-americană şi poziţiile ţărmurilor provin din figurile de la paginile 380-83 din A. S. Dyke, „An Outline of North American Deglaciation with Emphasis on Central and North-ern Canada”, *Quaternary Glaciations – Extent and Chronology, Part II: North America,* ed. liirgen Ehlers şi Philip L. Gibbard (Amsterdam: Elsevier, 2004), 373-422. Poziţiile calotelor de gheaţă din Eurasia provin din Figura 4 din H. Patton et al., „Deglaciation of the Eurasian Ice Sheet Complex”, *Quaternary Science Reviews* 169 (2017): 148-72. Gheaţa şi linia ţărmurilor Americii de Sud provin din Figura 5.1 din D. J. Meltzer, „The Origins, Antiquity and Dispersal of the First Americans”, în *The Human Past,* ediţia a 4-a, ed. Chris Scarre (Londra:

Thames & Hudson, 2018), 149-71. Linia ţărmului Siberiei este trasată prin interpolare.

Figura 20. Această imagine combină informaţia provenită din Figura 2 din D. Reich et al., „Reconstructing Native American Population History”, *Nature* 488 (2012): 37074 şi Figura 5 din P. Flegontov et al., „Paleo-Eskimo Genetic Legacy Across North America”, *bioRxiv* (2017): doi.org/10.1101.203018.

Figura 21. Această ilustraţie repoziţionează datele din Figura 1 din P. Skoglund et al., „Genetic Evidence for Two Founding Populations of the Americas”, *Nature* 525 (2015): 104-8.

Figura 23. Posibilele rute de migraţie ale vorbitorilor timpurii de tai-kadai, austro-asiatică şi austroneziană sunt trasate pe baza Figura 2 din I. Diamond şi P. Bellwood, „Farmers and Their Languages: The First Expansions”, *Science* 300 (2003): 597-603.

Figura 24. Vechiul ţărm în panelul (1) urmează cu aproximaţie harta din A. Cooper şi C. Stringer, „Did the Denisovans Cross Wallace’s Line?”, *Science* 342 (2013): 321-23.

Figura 25. Această ilustraţie este bazată pe Figura 3D din P. Skoglund et al., „Reconstructing Prehistoric African Population Structure”, *Cell* 171 (2017): 59-71.

Figura 26. Contururile familiei de limbi africane le aproximează pe cele prezentate în Figura 3 din M. C. Campbell, J. B. Hirbo, J. P. Townsend şi S. A. Tishkoff, „The Peopling of the African Continent and the Diaspora into the New World”, *Current Opinion in Genetics and Development* 29 (2014): 120-32. Posibilele căi de migraţie asociate expansiunii bantu sunt asemănătoare cu cele din Campbell et al., „The Peopling of the African Continent”, dar incorporează şi opinii ale lui Scott MacEachern şi descoperiri provenite din studii genetice ulterioare, care sugerează că o expansiune la nord de pădurea tropicală este posibil să nu fi contribuit mult la moştenirea vorbitorilor de limbă bantu, de astăzi, din Africa de Est (G. B. Busby et al., „Admixture into and

Within Sub-Saharan Africa”, *eLife* 5 (2016): el5266, şi E. Patin et al., „Dispersals and Genetic Adaptation of Bantu-Speaking Populations in Africa and North America”, *Science* 356 (2017): 543-46).

Figura 27. Această ilustraţie combină cifrele din figurile 2B şi 2C din P. Skoglund et al., „Reconstructing Prehistoric African Population Structure”, *Cell* 171 (2017): 59-71.

Figura 28. Adaptată, cu permisiunea autorilor, după Figura 2 din M. Karmin et al., „A Recent Bottleneck of Y Chromosome Diversity Coincides with a Global Change in Culture”, *Genome Research 25* (2015): 459-66.

# PARTEA A III-A

# GENOMUL PERTURBATOR

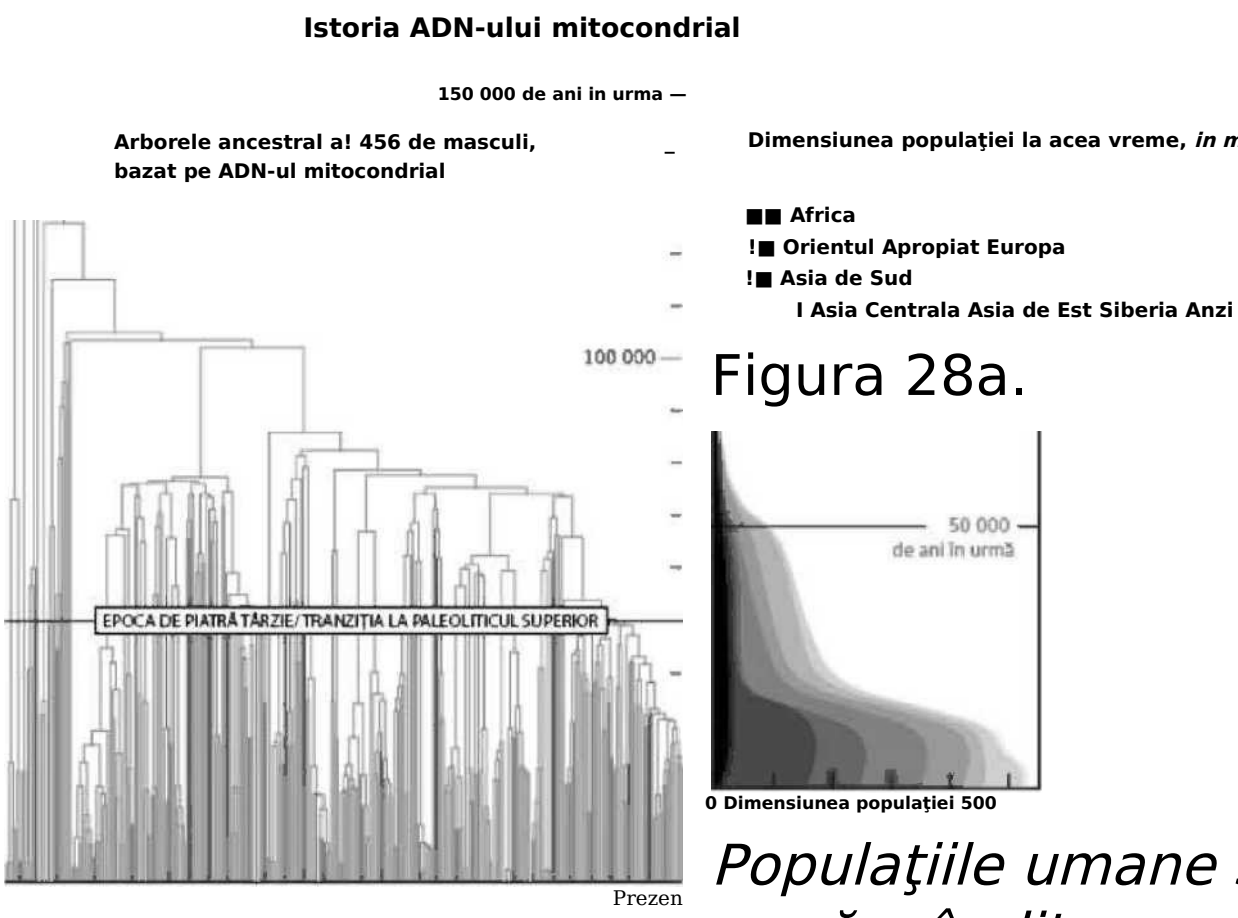

Istoria ADN-ului mitocondrial
150 000 de ani in urma —
Arborele ancestral a! 456 de masculi, bazat pe ADN-ul mitocondrial
Dimensiunea populaţiei la acea vreme, in mii
■■ Africa
!■ Orientul Apropiat Europa
!■ Asia de Sud
I Asia Centrala Asia de Est Siberia Anzi
100 000
EPOCA DE PIATRĂ TÂRZIE/TRANZIŢIA LA PALEOLITICUL SUPERIOR
50 000
de ani în urmă
Prezen
0 Dimensiunea populaţiei 500

Figura 28a. *Populaţiile umane s-au răspândit dramatic în ultimii 50 000 de ani. Putem vedea acest lucru în arborii relaţiilor, construiţi pe baza ADN-ului mitocondrial, unde raritatea strămoşilor comuni recenţi din acea perioadă reflectă dimensiuni mari ale populaţiilor.*

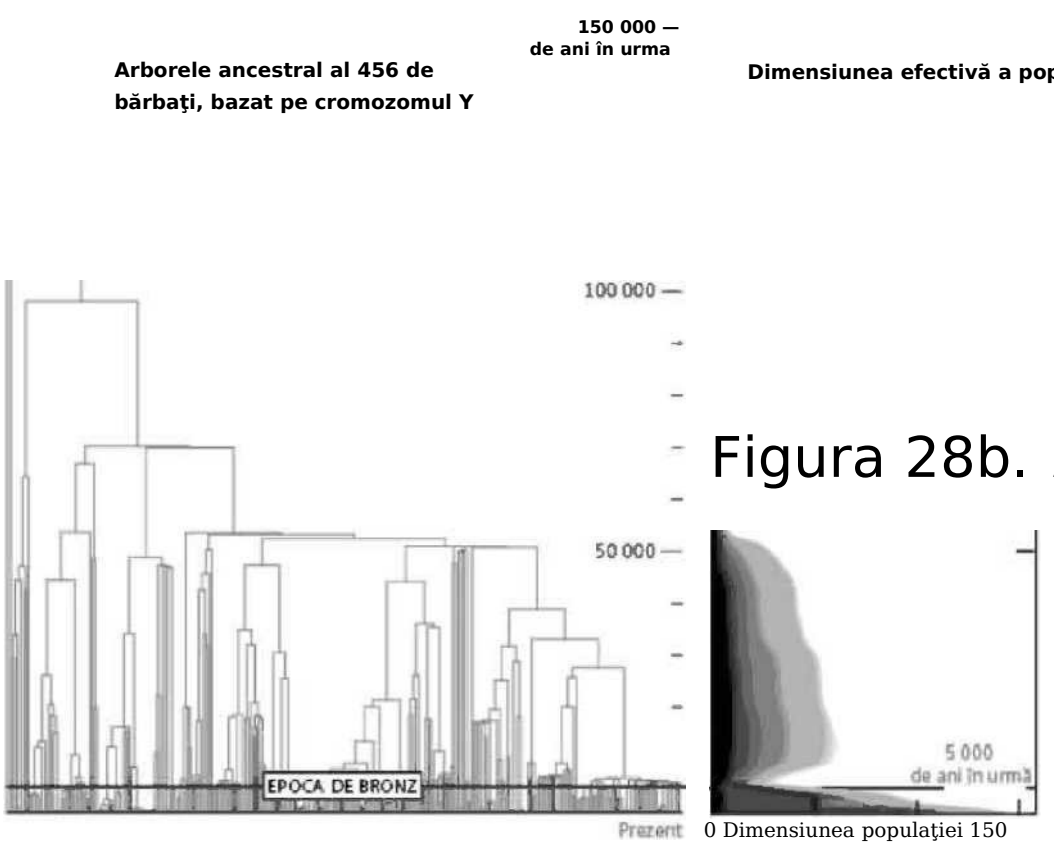

Istoria cromozomului Y
150 000 — de ani în urma
Arborele ancestral al 456 de bărbaţi, bazat pe cromozomul Y
Dimensiunea efectivă a populaţiei în timp, in mii
100 000
50 000
EPOCA DE BRONZ
5 000 de ani în urmă
Prezent
0 Dimensiunea populaţiei 150

Figura 28b. *La nivelul cromozomului Y, mulţi oameni au strămoşi comuni de acum aproximativ 5 000 de ani. Acest lucru corespunde zorilor Epocii Bronzului – o perioadă a primelor societăţi înalt stratificate social în care unii bărbaţi au reuşit să acumuleze bunuri si să aibă o f > contribuţie excepţională la următoarea generaţie.*

# 1NOTE

1 *Introducere*

11 Luigi Luca Cavalli-Sforza, Paolo Menozzi, Alberto Piazza, *The History and Geography of Human Genes,* NJ: Princeton University Press, Princeton, 1994.

2 Luigi Luca Cavalli-Sforza, Francesco Cavalli-Sforza, *The Great Human Diasporas: The History of Diversity and Evolution,* MA: Addison-Wesley, Reading, 1995.

3 N. A. Rosenberg şi alţii, „Genetic Structure of Human Popula-tions”, *Science* 298 (2002): 2381-85.

4 P. Menozzi, A. Piazza, L. L. Cavalli-Sforza, „Synthetic Maps of Human Gene Frequencies in Europeans”, *Science* 201 (1978): 786-92; L. L. Cavalli-Sforza, P. Menozzi, A. Piazza, „Demic Expansions and Human Evolution”, *Science 259 (*1993): 639-46.

5 Albert J. Ammerman, Luigi Luca Cavalli-Sforza, *The Neolithic Transition and the Genetics of Populations in Europe,* Nl: Princeton University Press, Princeton, 1984.

6 J. Novembre, M. Stephens, „Interpreting Principal Component Analyses of Spatial Population Genetic Variation”, *Nature Genetics* 40 (2008): 646-49.

7 Q. Francois si alţii, „Principal Component Analysis Under
Population Genetic Models of Range Expansion and Admixture”, *Molecular Biology and Evolution* 27 (2010): 1257-68.

8 A. Keller şi altii, „New Insights into the Tyrolean Iceman's
Origin and Phenotype as Inferred by Whole-Genome Sequencing”, *Nature Communications 3* (2012): 698; P. Skoglund şi altii, „Origins and Genetic Legacy of Neolithic Farmers and Hunter-Gatherers in Europe”, *Science* 336 (2012): 466-69; I. Lazaridis şi alţii, „Ancient Human Genomes Suggest Three Ancestral Populations for Present-Day Europeans”, *Nature* 513 (2014): 409-13.

9 J. K. Pickrell, D. Reich, „Toward a New History and Geography of Human Genes Informed by Ancient DNA”, *Trends in Genetics* 30 (2014): 377-89.

10 R. E. Green şi altii, „A Draft Sequence of the Neandertal Genome”, *Science* 328 (2010): 710-22.
IIP. Reich si alţii, „Genetic History of an Archaic Hominin Group from Denisova Cave in Siberia”, *Nature* 468 (2010): 1053-60.
12 M. Rasmussen si alţii, „Ancient Human Genome Sequence of an Extinct Palaeo-Eskimo”, *Nature* 463 (2010): 757-62.
13 W. Haak şi alţii, „Massive Migration from the Steppe Was a Source for Indo-European Languages in Europe”, *Nature 522* (2015): 207-11.
14 M. E. Allentoft şi alţii, „Population Genomics of Bronze Age Eurasia”, *Nature* 522 (2015): 167-72.
15 1. Mathieson si altii, „Genome-Wide Patterns of Selection in 230 Ancient Eurasians”, *Nature* 528 (2015): 499-503.
16 Q. Fu si altii, „DNA Analysis of an Early Modern Human from Tianyuan Cave, China”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 110 (2013): 2223-27.
17 H. Shang si alţii, „An Early Modern Human from Tianyuan Cave, Zhoukoudian, China”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 104 (2007): 6573-78.
18 Haak si alţii, „Massive Migration”.
19 1. Lazaridis si alţii, „Genomic Insights into the Origin of Farming in the Ancient Near East”, *Nature* 536 (2016): 419-24.
20 P. Skoglund si alţii, „Genomic Insights into the Peopling of the Southwest Pacific”, *Nature* 538 (2016): 510-13.
21 Lazaridis si alţii, „Ancient Human Genomes”,
22 Pickrell şi Reich„Toward a New History”.

Capitolul 1. *Cum explică genomul cine suntem*

1 J. D. Watson, F. H. Crick, „Molecular Structure of Nucleic Acids; a Structure for Deoxyribose Nucleic Acid”, *Nature* 171 (1953): 737-38.
2 R. L. Cann, M. Stoneking, A. C. Wilson, „Mitocondrial DNA
and Human Evolution”, *Nature* 325 (1987): 31-36.
3 Cann şi alţii „Mitocondrial DNA and Human Evolution”.
4 Q. Fu şi alţii, „A Revised Timescale for Human Evolution Based on Ancient Mitocondrial Genomes”,

*Current Biology 23* (2013): 553-59.
5 D. E. Lieberman, B. M. McBratney, G. Krovitz, „The Evolution and Development of Cranial Form in *Homo sapiens", Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 99 (2002):I 134-39. Richter şi alţii, „The Age of the Hominin Fossils from Jebel Irhoud, Morocco, and the Origins of the Middle Stone Age", *Nature* 546 (2017): 293-96.
6 H. S. Groucutt şi alţii, „Rethinking the Dispersal of *Homo sapiens* Out of Africa", *Evolutionary Anthropology* 24 (2015): 149-64.
7 C.-J. Kind şi alţii, „The Smile of the Lion Man: Recent Excavations in Stadel Cave (Baden-Wiirttemberg, Southwestern Germany) and the Restoration of the Famous Upper Palaeolithic Figurine", *Quartăr* 61 (2014): 129-45.
8 T. Higham şi alţii, „The Timing and Spatiotemporal Patterning of Neanderthal Disappearance", *Nature* 512 (2014): 306-9.
9 Richard G. Klein, Blake Edgar, *The Dawn of Human* CuZture, Wiley, New York, 2002.
10 J. Doebley, „Mapping the Genes That Made Maize", *Trends in Genetics* 8 (1992): 302-7.
11 S. McBrearty, A. S. Brooks, „The Revolution That Wasn't: A New Interpretation of the Origin of Modern Human Behavior", *Journal of Human Evolution* 39 (2000): 453563.
12 C. S. L. Lai şi alţii, „A Forkhead-Domain Gene Is Mutated in a Severe Speech and Language Disorder", *Nature* 413 (2001): 519-23.
13 W. Enard şi alţii, „Molecular Evolution of FOXP2, a Gene Involved in Speech and Language", *Nature* 418 (2002): 869-72.
14 W. Enard şi alţii, „A Humanized Version of FOXP2 Affects Cortico-Basal Ganglia Circuits in Mice", *Cell* 137 (2009): 961-71.
15 1. Krause şi alţii, „The Derived FOXP2 Variant of Modern Humans Was Shared with Neandertals", *Current Biology* 17(2007): 1908-12.
16 T. Maricic şi alţii, „A Recent Evolutionary Change Affects a Regulatory Element in the Human FOXP2 Gene", *Molecular Biology and Evolution* 30 (2013): 844-52.

17 S. Pääbo, „The Human Condition – a Molecular Approach”, *Cell* 157 (2014): 216-26.
18 R. E. Green şi alţii, „A Draft Sequence of the Neandertal Genome”, *Science* 328 (2010): 710-22; K. Priifer şi alţii, „The Complete Genome Sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains”, *Nature* (2013): doi: 10.1038/nature 1288.
19 R. Lewin, „The Unmasking of Mitocondrial Eve”, *Science* 238(1987): 24-26.
20 A. Kong şi alţii, „A High-Resolution Recombination Map of the Human Genome”, *Nature Genetics* 31 (2002): 24147.
21 „Descent of Elizabeth II from William I”, Familypedia, http://familypedia.wikia.com/wiki/Descent_of_Elizabeth_II
22 S. Mallick şi alţii, „The Simons Genome Diversity Project: 300 Genomes from 142 Diverse Populations”, *Nature* 538(2016): 201-6.
23 Green şi alţii, „Draft Sequence”.
24 H. Li, R. Durbin, „Inference of Human Population History from Individual Whole-Genome Sequences”, *Nature 475 (201*1): 493-96.
25 *Ibid.*
26 S. Schiffels, R. Durbin, „Inferring Human Population Size and Separation History from Multiple Genome Sequences”, *Nature Genetics* 46 (2014): 919-25.
27 Mallick şi alţii, „Simons Genome Diversity Project”.
28 I. Gronau şi alţii, „Bayesian Inference of Ancient Human Demography from Individual Genome Sequences”, *Nature Genetics* 43 (2011): 1031-34.
29 Mallick şi alţii, „Simons Genome Diversity Project”.
30 P. C. Sabeti şi alţii, „Detecting Recent Positive Selection in the Human Genome from Haplotype Structure”, *Nature* 419 (2002): 832-37; B. F. Voight, S. Kudaravalli, X. Wen, I. K. Pritchard, „A Map of Recent Positive Selection in the Human Genome”, *PLoS Biology* 4 (2006): e72.
31 K. M. Teshima, G. Coop, M. Przeworski, „How Reliable Are Empirical Genomic Scans for Selective Sweeps?”, *Genome Research* 16 (2006): 702-12.
32 R. D. Hernandez şi alţii, „Classic Selective Sweeps Were Rare in Recent Human Evolution”, *Science* 331 (2011): 920-24.

33 S. A. Tishkoff şi alţii, „Convergent Adaptation of Human Lactase Persistence in Africa and Europe”, *Nature Genetics* 38 (2006): 31-40.

34 M. C. Turchin şi alţii, „Evidence of Widespread Selection on Stand-ing Variation in Europe at Height-Associated SNPs”, *Nature Genetics* 44 (2012): 1015-19.

35 I. Mathieson şi alţii, „Genome-Wide Patterns of Selection in 230 Ancient Eurasians”, *Nature* 528 (2015): 499-503.

36 Y. Field şi alţii, „Detection of Human Adaptation During the Past 2000 Years”, *Science* 354 (2016): 760-64.

37 D. Welter şi alţii, „The NHGRI GWAS Catalog, a Curated Resource of SNP-Trait Associations”, *Nucleic Acids Research* 42 (2014): D1001-6.

38 D. B. Goldstein, „Common Genetic Variation and Human fromJWilds^mVJ^I&^âjnHnj&KoihdTsi/eAfcdicznc 360 (2009): 1696-98.

39 A. Okbay şi alţii, „Genome-Wide Association Study Identifies 74 Loci Associated with Educational Attainment”, *Nature* 533 (2016): 539-42; M. T. Lo şi alţii, „Genome-Wide Analyses for Personality Traits Identify Six Genomic Loci and Show Correlations with Psychiatric Disorders”, *Nature Genetics* 49 (2017): 15256; G. Davies şi alţii,,,Genome-Wide Association Study of Cognitive Functions and Educational Attainment in UK Biobank (N=112 151)”, *Molecular Psychiatry* 21 (2016): 758-67.

Capitolul 2. *întâlnirile cu Neanderthalienii*

1 Charles Darwin, *Descendenţa omului şi selecţia sexuală,* Editura Academiei Române, Bucureşti, 1967.

2 Erik Trinkaus, *The Shanidar Neanderthals,* Academic Press, New York, 1983.

3 D. Radovcic, A. O. Srsen, J. Radovcic, D. W. Frayer, „Evidence for Neanderthal fewelry: Modified White-Tailed Eagle Claws at Krapina”, *PLoS One* 10 (2015): eOl19802.

4 I. Jaubert şi alţii, „Early Neanderthal Constructions Deep

in Bruniquel Cave in Southwestern France", *Nature* 534 (2016): 111-14.

5 W. L. Straus, A. J. E. Cave, „Pathology and the Posture of Neander-thal Man", *Quarterly Review of Biology 32* (1957): 348-63.

6 William Golding, *Moştenitorii,* traducerea de Adriana Bădescu, Editura Litera, Bucureşti, 2015.

7 Jean M. Auel, *The Clan of the Cave Bear,* Crown, New York, 1980.

8 T. Higham şi alţii, „The Timing and Spatiotemporal Patterning of Neanderthal Disappearance", *Nature* 512 (2014): 306-9.

9 T. Higham şi alţii, „Chronology of the Grotte du Renne (France) and Implications for the Context of Ornaments and Human Remains Within the Châtelperronian", *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 107 (2010): 20234-39; 0. Bar-Yosef, J.-G. Bordes, „Who Were the Makers of the Châtelperronian Culture?", *Journal of Human Evolution* 59 (2010): 586-93.

10 R. Griin şi alţii, „U-series and ESR Analyses of Bones and Teeth Relating to the Human Burials from Skhul", *Journal of Human Evolution* 49 (2005): 316-34.

11 H. Valladas şi alţii, „Thermo-Luminescence Dates for the Neanderthal Burial Site at Kebara in Israel", *Nature* 330 (1987): 159-60.

12 E. Trinkaus şi alţii, „An Early Modern Human from the Peştera cu Oase, Romania", *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 100 (2003): 11231— 36.

13 M. Krings şi alţii, „Neandertal DNA Sequences and the Origin of Modern Humans", *Cell* 90 (1997): 19-30.

14 C. Posth şi alţii, „Deeply Divergent Archaic Mitocondrial Genome Provides Lower Time Boundary for African Gene Flow into Neanderthals", *Nature Communications* 8(2017): 16046.

15 Krings şi alţii, „Neandertal DNA Sequences".

16 M. Currat, L. Excoffier, „Modern Humans Did Not Admix with Neanderthals During Their Range Expansion into Europe", *PLoS Biology* 2 (2004): e421; D. Serre şi alţii, „No Evidence of Neandertal mtDNA Contribution to

Early Modern Humans", *PLoS Biology 2* (2004): e57; M. Nordborg, „On the Probability of Neanderthal Ancestry", *American Journal of Human Genetics* 63 (1998): 1237-40.

17 R. E. Green şi alţii, „Analysis of One Million Base Pairs of Neanderthal DNA", *Nature* 444 (2006): 330-36.

18 I. D. Wall, S. K. Kim, „Inconsistencies in Neanderthal Genomic DNA Sequences", *PLoS Genetics 3* (2007): 1862-66.

19 Krings şi alţii, „Neandertal DNA Sequences".

20 S. Sankararaman şi alţii, „The Date of Interbreeding Between Neandertals and Modern Humans", *PLoS Genetics* 8 (2012): 61002947.

21 P. Moorjani şi alţii, „A Genetic Method for Dating Ancient Ge-nomes Provides a Direct Estimate of Human Generation Interval in the Last 45,000 Years", *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 113(2016): 5652-7.

22 G. Coop, „Thoughts On: The Date of Interbreeding Between Neandertals and Modern Humans", *Haldane's Sieve,* 18 septembrie 2012, https://haldanessieve.org/2012/09/18/thoughts-on-neandertal-article/.

23 K. Prufer şi alţii, „The Complete Genome Sequence of a Neander-thal from the Altai Mountains". *Nature* (2013): doi: 10.1038/nature 12886.

24 *Ibid.*

25 *Ibid.;* M. Meyer şi alţii, „A High-Coverage Genome Sequence from an Archaic Denisovan Individual", *Science* 338 (2012): 222-26; J. D. Wall şi alţii, „Higher Levels of Neanderthal Ancestry in East Asians Than in Europeans", *Genetics* 194 (2013): 199-209.

26 Q. Fu şi alţii, „The Genetic History of Ice Age Europe", *Nature* 534 (2016): 200-5.

27 I. Lazaridis şi alţii, „Genomic Insights into the Origin of Farming in the Ancient Near East", *Nature* 536 (2016): 419-24.

28 Trinkaus şi alţii, „An Early Modern Human".

29 Q. Fu şi alţii, „An Early Modern Human from Romania with a Recent Neanderthal Ancestor", *Nature* 524 (2015): 216-19.

30 N. Teyssandier, F. Bon, J.-G. Bordes, „Within

Projectile Range: Some Thoughts on the Appearance of the Aurignacian in Europe", *Journal of Anthropological Research* 66 (2010): 209-29; P. Mellars, „Archeology and the Dispersal of Modern Humans in Europe: Deconstructing the «Aurignacian»", *Evolutionary Anthropology* 15 (2006): 167-82.

31 M. Currat, L. Excoffier, „Strong Reproductive Isolation Between Humans and Neanderthals Inferred from Observed Patterns of Introgression", *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 108 (2011): 15129-34.

32 S. Sankararaman şi alţii, „The Genomic Landscape of Neanderthal Ancestry in Present-Day Humans", *Nature* 507 (2014): 354-57; B. Vernot, I. M. Akey, „Resurrecting Surviving Neandertal Lineages from Modern Human Genomes", *Science* 343 (2014): 1017-21.

33 N. Patterson şi alţii, „Genetic Evidence for Complex Speciation of Humans and Chimpanzees", *Nature* 441 (2006): 1103-8.

34 *Ibid.;* R. Burgess, Z. Yang, „Estimation of Hominoid Ancestral Population Sizes Under Bayesian Coalescent Models Incorporating Mutation Rate Variation and Sequencing Errors", *Molecular Biology and Evolution 25* (2008): 1975-94.

35 J. A. Coyne, H. A. Orr, „Two Rules of Speciation", in *Speciation and Its Consequences,* ed. Daniel Otte, John A. Endler, MA: Sinauer Associates, Sunderland, 1989, pp. 180-207.

36 P. K. Tucker şi alţii, „Abrupt Cline for Sex-Chromosomes in a Hybrid Zone Between Two Species of Mice", *Evolution* 46 (1992): 1146-63.

37 H. Li, R. Durbin, „Inference of Human Population History from Individual Whole-Genome Sequences", *Nature* 475 (2011): 493-96.

38 T. Mailund şi alţii, „A New Isolation with Migration Model Along Complete Genomes Infers Very Different Divergence Processes Among Closely Related Great Ape Species", *PLoS Genetics* 8 (2012): el003125.

39 J. Y. Dutheil şi alţii, „Strong Selective Sweeps on the X Chromosome in the Human-Chimpanzee

Ancestor Explain Its Low Divergence", *PLoS Genetics* 11 (2015): el005451.

40 Sankararaman şi alţii, „Genomic Landscape"; B. Jegou şi alţii, „Meiotic Genes Are Enriched in Regions of Reduced Archaic Ancestry", *Molecular Biology and Evolution* 34 (2017): 1974-80.

41 Q. Fu şi alţii, „Ice Age Europe".

42 L Juric, S. Aeschbacher, G. Coop, „The Strength of Selection Against Neanderthal Introgression", *PLoS Genetics* 12 (2016): el006340; K. Harris, R. Nielsen, „The Genetic Cost of Neanderthal Introgression", *Genetics* 203 (2016): 881-91.

43 G. Bhatia şi alţii, „ Genome-Wide Scan of 29,141 African Americans Finds No Evidence of Directional Selection Since Admixture", *American Journal of Human Genetics* 95 (2014): 437-44.

44 Johann G. Fichte, *Grundlage der gesamten Wissenschaftslehre,* Gabler, Jena, Germania, 1794.

Capitolul 3. *ADN-ul ancestral deschide zăgazurile*

1 J. Krause şi alţii, „Neanderthals in Central Asia and Siberia", *Nature* 449 (2007): 902-4.

2 J. Krause şi alţii, „The Complete Mitocondrial DNA Genome of an Unknown Hominin from Southern Siberia", *Nature* 464 (2010): 894-97.

3 C. Posth şi alţii, „Deeply Divergent Archaic Mitocondrial

Genome Provides Lower Time Boundary for African Gene Flow into Neanderthals", *Nature Communications* 8(2017): 16046.

4 Krause şi alţii, „Unknown Hominin".

5 D. Reich şi alţii, „Genetic History of an Archaic Hominin

Group from Denisova Cave in Siberia", *Nature* 468 (2010): 1053-60.

6 K. Priifer şi alţii, „The Complete Genome Sequence of a Neander-thal from the Altai Mountains", *Nature* (2013): doi: 10.1038/nature 12886.

7 Jerry A. Coyne, H. Allen Orr, *Speciation,* MA: Sinauer Associates, Sunderland, 2004.

8 S. Sankararaman, S. Mallick, N. Patterson, D. Reich, „The

Com-bined Landscape of Denisovan and Neanderthal Ancestry in Present-Day Humans",

*Current Biology* 26 (2016): 1241-47.

9 P. Moorjani şi alţii, „A Genetic Method for Dating Ancient Ge-nomes Provides a Direct Estimate of Human Generation Interval in the Last 45,000 Years”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 113(2016): 5652-7.

10 Sankararaman şi alţii, „Combined Landscape”.

11 D. Reich şi alţii, „Denisova Admixture and the First Modern Human Dispersals into Southeast Asia and Oceania”, *American Journal of Human Genetics* 89 (2011): 516-28.

12 Q. Fu şi alţii, „DNA Analysis of an Early Modern Human from Tianyuan Cave, China”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 110 (2013): 2223-27; M. Yang şi alţii, „40,000-Year-01d Individual from Asia Provides Insight into Early Population Structure in Eurasia”, *Current Biology 27* (2017): 3202-8.

13 Priifer şi alţii, „Complete Genome”.

14 C. B. Stringer, I. Barnes, „Deciphering the Denisovans”, *Pro-ceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 112(2015): 15542-43.

15 G. A. Wagner şi alţii, „Radiometric Dating of the TypeSite for Homo Heidelbergensis at Mauer, Germany”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 107 (2010): 19726-30.

16 C. Stringer, „The Status of *Homo heidelbergensis* (Schoetensack 1908)”, *Evolutionary Anthropology* 21
(2012): 101-7.

17 A. Brumm şi alţii, „Age and Context of the Oldest Known Hominin Fossils from Flores”, *Nature 534* (2016): 24953.

18 Reich şi alţii, „Denisova Admixture”.

19 Prufer şi alţii, „Complete Genome”.

20 *Ibid.;* Sankararaman şi alţii, „Combined Landscape”.

21 E. Huerta-Sânchez şi alţii, „Altitude Adaptation in Tibetans Caused by Introgression of Denisovan-like DNA”, *Nature* 512 (2014): 194-97.

22 E H. Chen şi alţii, „Agriculture Facilitated Permanent Human Occupation of the Tibetan

Plateau After 3600 B.P.”, *Science* 347 (2015): 248-50.

23 S. Sankararaman şi alţii, „The Genomic Landscape of Neanderthal Ancestry in Present-Day Humans”, *Nature* 507 (2014): 354-57; B. Vernot, J. M. Akey, „Resurrecting Surviving Neandertal Lineages from Modern Human Genomes”, *Science* 343 (2014): 1017-21.

24 Prufer şi alţii, „Complete Genome”.

25 G. R Rightmire, *„Homo erectus* and Middle Pleistocene Hominins: Brain Size, Skull Form, and Species Recognition”, *Journal of Human Evolution 65* (2013): 223-52.

26 M. Martinon-Torres şi alţii, „Dental Evidence on the Hominin Dispersals During the Pleistocene”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 104 (2007): 13279-82; M. Martinon-Torres, R. Dennell, J. M. B. de Castro, „The Denisova Hominin Need Not Be an Out of Africa Story”, *Journal of Human Evolution* 60 (2011): 251-55; J. M. B. de Castro, M. Martinon-Torres, „A New Model for the Evolution of the Human Pleistocene Populations of Europe”, *Quaternary International* 295 (2013): 102-12.

27 De Castro şi Martinon-Torres, „A New Model”.

28 J. L. Arsuaga şi alţii, „Neandertal Roots: Cranial and Chronological Evidence from Sima de los Huesos”, *Science* 344 (2014): 1358-63; M. Meyer şi alţii, „A Mitocondrial Genome Sequence of a Hominin from Sima de los Huesos”, *Nature* 505 (2014): 403-6.

29 M. Meyer şi alţii, „Nuclear DNA Sequences from the Middle Pleistocene Sima de los Huesos Hominins”, *Nature* 531 (2016): 504-7.

30 Meyer şi alţii, „A Mitocondrial Genome"; Meyer şi alţii, „Nuclear DNA Sequences”.

31 Krause si alţii, „Unknown Hominin”; Reich si alţii, „Genetic History”.

32 Posth şi alţii, „Deeply Divergent Archaic”.

33 *Ibid.*

34 Priifer şi alţii, „Complete Genome”.

35 S. McBrearty, A. S. Brooks, „The Revolution That Wasn’t: A New Interpretation of the Origin of Modern Human Behavior”, *Journal of Human*

*Evolution* 39 (2000): 453563.

36 M. Kuhlwilm şi alţii, „Ancient Gene Flow from Early Modern Humans into Eastern Neanderthals”, *Nature* 530 (2016): 429-33.

Capitolul 4. *Fantomele umanităţii*

1 Charles R. Darwin, *Originea speciilor,* Editura Herald, Bucureşti, 2017.

2 C. Becquet şi alţii, „Genetic Structure of Chimpanzee Populations”, *PLoS Genetics* 3 (2007): e66.

3 R. E. Green şi alţii, „A Draft Sequence of the Neandertal Genome”, *Science* 328 (2010): 710-22.

4 N. I. Patterson şi alţii, „Ancient Admixture in Human History”, *Genetics* 192 (2012): 1065-93.

5 Ernst Mayr, *Systematics and the Origin of Species from the Viewpoint of a Zoologist,* Columbia University Press, New York, 1942.

6 J. K. Pickrell, D. Reich, „Toward a New History and Geography of Human Genes Informed by Ancient DNA”, *Trends in Genetics* 30 (2014): 377-89.

7 A. R. Templeton, „Biological Races in Humans”, *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Science* 44 (2013): 262-71.

8 M. Raghavan şi alţii, „Upper Palaeolithic Siberian Genome Reveals Dual Ancestry of Native Americans”, *Nature* 505 (2014): 87-91.

9 I. Lazaridis şi alţii, „Ancient Human Genomes Suggest Three Ancestral Populations for Present-Day Europeans”, *Nature* 513 (2014): 409-13.

10 1. Lazaridis şi alţii, „Genomic Insights into the Origin of Farming in the Ancient Near East”, *Nature* 536 (2016): 419-24.

11 *Ibid.*

12 E Broushaki şi alţii, „Early Neolithic Genomes from the Eastern Fertile Crescent”, *Science* 353 (2016): 499-503; E. R. Jones şi alţii, „Upper Palaeolithic Genomes Reveal Deep Roots of Modern Eurasians”, *Nature Communications* 6 (2015): 8912.

13 B. M. Henn şi alţii, „Genomic Ancestry of North

Africans Supports Back-to-Africa Migrations", *PLoS Genetics* 8 (2012): el002397.

14 Lazaridis şi alţii, „Genomic Insights".

15 0. Bar-Yosef, „Pleistocene Connections Between Africa and Southwest Asia: An Archaeological Perspective", *African Archaeological Review* 5 (1987): 29-38.

16 Lazaridis şi alţii, „Genomic Insights".

17 Lazaridis şi alţii, „Ancient Human Genomes".

18 Q. Fu şi alţii, „The Genetic History of Ice Age Europe", *Nature* 534 (2016): 200-5.

19 Q. Fu şi alţii, „Genome Sequence of a 45,000-Year-01d Modern Human from Western Siberia", *Nature* 514 (2014): 445-49.

20 Q. Fu şi alţii, „An Early Modern Human from Romania with a Recent Neanderthal Ancestor", *Nature* 524 (2015): 216-19.

21 E G. Fedele, B. Giaccio, I. Hajdas, „Timescales and Cultural Process at 40,000 BP in the Light of the Campanian Ignimbrite Eruption, Western Eurasia", *Journal of Human Evolution* 55 (2008): 834-57; A. Costa şi alţii, „Quantifying Volcanic Ash Dispersal and Impact of the Campanian Ignimbrite Super-Eruption", *Geophysical Research Letters* 39 (2012): L10310.

22 Fedele şi alţii, „Timescales and Cultural Process".

23 A. Seguin-Orlando şi alţii, „Genomic Structure in Europeans Dating Back at Least 36,200 Years", *Science* 346 (2014): 1113-18.

24 Fu şi alţii, „Ice Age Europe".

25 Andreas Maier, *The Central European Magdalenian: Regional Diversity and Internal Variability,* Springer, Dordrecht, Ţările de Jos,

26 Fu şi alţii, „Ice Age Europe".

27 N. A. Rosenberg şi alţii, „Clines, Clusters, and the Effect of Study Design on the Inference of Human Population Structure", *PLoS Genetics* 1 (2005): e70; G. Coop şi alţii, „The Role of Geography in Human Adaptation", *PLoS Genetics* 5 (2009): el000500.

28 Q. Fu şi alţii, „DNA Analysis of an Early Modern Human from Tianyuan Cave, China", *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 110 (2013): 2223-27.

29 Fu şi alţii, „Recent Neanderthal Ancestor”; W. Haak şi alţii, „Massive Migration from the Steppe Was a Source for Indo-European Languages in Europe”, *Nature* 522 (2015): 207-11.
30 R. Pinhasi şi alţii, „Optimal Ancient DNA Yields from the Inner Ear Part of the Human Petrous Bone”, *PLoS One* 10 (2015): e0129102.
31 Lazaridis şi alţii, „Genomic Insights”.
32 *Ibid.;* Broushaki şi alţii, „Early Neolithic Genomes”.
33 I. Olalde şi alţii, „Derived Immune and Ancestral Pigmentation Alleles in a 7,000-Year-01d Mesolithic European”, *Nature* 507 (2014): 225-28.
34 I. Mathieson şi alţii, „Genome-Wide Patterns of Selection in 230 Ancient Eurasians”, *Nature* 528 (2015): 499-503.
35 I. Mathieson şi alţii, „The Genomic History of Southeastern Europe”, *bioRxiv* (2017): doi.org/10.1101/135616.
36 Haak şi alţii, „Massive Migration”; M. E. Allentoft şi alţii, „Population Genomics of Bronze Age Eurasia”, *Nature* 522 (2015): 167-72.
37 Templeton, „Biological Races”.

Capitolul 5. *Făurirea Europei moderne*

1 B. Bramanti şi alţii, „Genetic Discontinuity Between Local Hunter-Gatherers and Central Europe’s First Farmers”, *Science* 326 (2009): 137-40.
2 A. Keller şi alţii, „New Insights into the Tyrolean Iceman’s Origin and Phenotype as Inferred by Whole-Genome Sequencing”, *Nature Communications* 3 (2012): 698.
3 W. Muller şi alţii, „Origin and Migration of the Alpine Iceman”, *Science* 302 (2003): 862-66.
4 P. Skoglund şi alţii, „Origins and Genetic Legacy of Neolithic Farmers and Hunter-Gatherers in Europe”, *Science* 336 (2012): 466-69.
5 Albert J. Ammerman, Luigi Luca Cavalli-Sforza, *The Neolithic Transition and the Genetics of Populations in Europe,* NJ: Princeton University Press, Princeton, 1984.
6 N. J. Patterson şi alţii, „Ancient Admixture in Human History”, *Genetics* 192 (2012): 1065-93.

7 M. Raghavan şi alţii, „Upper Palaeolithic Siberian Genome Reveals Dual Ancestry of Native Americans”, *Nature* (2013): doi: 10.1038/nature12736.

8 L Lazaridis şi alţii, „Ancient Human Genomes Suggest Three Ancestral Populations for Present-Day Europeans”, *Nature* 513 (2014): 409-13.

9 C. Gamba şi alţii, „Genome Flux and Stasis in a Five Millennium Transect of European Prehistory”, *Nature Communications* 5 (2014): 5257; M. E. Allentoft şi alţii, „Population Genomics of Bronze Age Eurasia”, *Nature* 522 (2015): 167-72; W. Haak şi alţii, „Massive Migration from the Steppe Was a Source for Indo-European Languages in Europe”, *Nature* 522 (2015): 207-11; I. Mathieson şi alţii, „Genome-Wide Patterns of Selection in 230 Ancient Eurasians”, *Nature* 528 (2015): 499-503.

10 Luigi Luca Cavalli-Sforza, Paolo Menozzi, Alberto Piazza, *The History and Geography of Human Genes,* NJ: Princeton University Press, Princeton, 1994.

11 Haak şi alţii, „Massive Migration”; Mathieson şi alţii, „Genome-Wide Patterns”.

12 Q. Fu şi alţii, „The Genetic History of Ice Age Europe”, *Nature* 534 (2016): 200-5.

13 L Mathieson, „The Genomic History of Southeastern Europe”, *bio-Rxiv* (2017): doi.org/10.1101/135616.

14 K. Douka şi alţii, „Dating Knossos and the Arrival of the Earliest Neolithic in the Southern Aegean”, *Antiquity* 91 (2017): 304-21.

15 Haak şi alţii, „Massive Migration”; M. Lipson şi alţii, „Parallel Palaeogenomic Transects Reveal Complex Genetic History of Early European Farmers”, *Nature* 551 (2017): 368-72.

16 Colin Renfrew, *Before Civilization: The Radiocarbon Revolution and Prehistoric Europe,* Jonathan Cape, Londra, 1973.

17 Marija Gimbutas, *The Prehistory of Eastern Europe, Part I: Mesolithic, Neolithic and Copper Age Cultures in Russia and the Baltic Area* (American School of Prehistoric Research, Harvard University,

Bulletin No. 20), MA: Peabody Museum, Cambridge, 1956.

18 David W. Anthony, *The Horse, the Wheel, and Language: How Bronze-Age Riders from the Eurasian Steppes Shaped the Modern World,* NJ: Princeton University Press, Princeton, 2007.

19 *Ibid.*

20 *Ibid.*

21 Haak şi alţii, „Massive Migration”.

22 *Ibid.;* I. Lazaridis şi alţii, „Genomic Insights into the Origin of Farming in the Ancient Near East”, *Nature* 536 (2016): 419-24.

23 M. Ivanova, „Kaukasus Und Orient: Die Entstehung des «Maikop-Phănomens» im £. Jahrtausend v. Chr”, *Praehistorische Zeitschrift* 87 (2012): I-28.

24 **Haak** şi alţii, „Massive Migration”; Allentoft şi alţii, „Bronze Age Eurasia”.

25 *Ibid.*

26 G. Kossinna, „Die Deutsche Ostmark: Ein Heimatboden der Germanen”, *Berlin* (1919).

27 B. Arnold, „The Past as Propaganda: Totalitarian Archaeology in Nazi Germany”, *Antiquity* 64 (1990): 464-78.

28 H. Hărke, „The Debate on Migration and Identity in Europe”, *Antiquity* 78 (2004): 453-56.

29 V. Heyd, „Kossinna’s Smile”, *Antiquity* 91 (2017): 34859; M. Vander Linden, „Population History in Third- Millennium-BC Europe: Assessing the Contribution of Genetics”, *World Archaeology* 48 (2016): 714-28; N. N. Johannsen, G. Larson, D. J. Meltzer, M. Vander Linden, „A Composite Window into Human History”, *Science* 356 (2017): 1118-20.

30 Vere Gordon Childe, *The Aryans: A Study of Indo-European Origins,* K. Paul, Trench, Trubner & Co. şi Alfred A. Knopf, Londra şi New York, 1926.

31 Hărke, „Debate on Migration and Identity”.

32 Peter Bellwood, *First Migrants: Ancient Migration in Global Perspective,* MA: Wiley-Blackwell, Chichester, West Sussex, Marea Britanie / Malden, 2013.

33 Colin McEvedy, Richard Jones, *Atlas of World Population History,* Penguin, Harmondsworth, Middlesex, 1978.

34 K. Kristiansen, „The Bronze Age Expansion of Indo-European Languages: An Archaeological Model”, în *Becoming European: The Transformation of Third Millennium Northern and Western Europe,* ed. Christopher Prescott şi Hâkon Glorstad, Oxbow Books, Oxford, 2011, pp. 165-81.

35 S. Rasmussen şi alţii, „Early Divergent Strains of Yersinia pestis in Eurasia 5,000 Years Ago”, *Cell* 163 (2015): 57182.

36 A. P. Fitzpatrick, *The Amesbury Archer and the Boscombe Bowmen: Bell Beaker Burials at Boscombe Down, Amesbury, Wiltshire,* Wessex Archaeology Reports, Salisbury, 2011.

37 I. Olalde şi alţii, „The Beaker Phenomenon and the Genomic Transformation of Northwest Europe”, *bioRxiv* (2017): doi.org/10.1101/135962.

38 L. M. Cassidy şi alţii, „Neolithic and Bronze Age Migration to Ireland and Establishment of the Insular Atlantic Genome”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 113 (2016): 368-73.

39 Colin Renfrew, *Archaeology and Language: The Puzzle of Indo-European Origins,* Cambridge University Press, Cambridge, 1997.

40 *Ibid.*

41 P. Bellwood, „Human Migrations and the Histories of Major Language Families”, in *The Global Prehistory of Human Migration,* Wiley-Blackwell, Chichester, Marea Britanic şi Malden, 2013, pp. 87-95.

42 Renfrew, *Archaeology and Language; Peter Bellwood, First Farmers: The Origins of Agricultural Societies,* Blackwell, Malden, 2005.

43 Haak şi alţii, „Massive Migration”; Allentoft şi alţii, „Bronze Age Eurasia”.

44 D. W. Anthony, D. Ringe, „The Indo-European Homeland from Linguistic and Archaeological Perspectives”, *Annual Review of Linguistics* 1 (2015): 199-219.

45 Leon Poliakov, *The Aryan Myth: A History of Racist and Nationalist Ideas in Europe,* Basic Books, New York, 1974.

Capitolul 6. *Coliziunea care a dus la formarea Indiei*

1 *The Rigveda,* traducerea în limba engleză de Stephanie W. Jamison şi Joel P. Brereton, Oxford University Press, Oxford, 2014, imnurile 1.33, 1.53, 2.12, 3.30, 3.34, 4.16 si 4.28.

2 M. Witzel, „Early Indian History: Linguistic and Textual Parameters”, in *The Indo-Aryans of Ancient South Asia: Language, Material Culture and Ethnicity,* ed. George Erdosy, Walter de Gruyter, Berlin, 1995, pp. 85-125.

3 Rita P. Wright, *The Ancient Indus: Urbanism, Economy, and Society,* Cambridge University Press, Cambridge, 2010; Gregory L. Possehl, *The Indus Civilization: A Contemporary Perspective,* AltaMira Press, Lanham, 2002.

4 *Ibid.*

5 Asko Parpola, *Deciphering the Indus Script,* Cambridge University Press, Cambridge, 1994; S. Farmer, R. Sproat, M. Witzel, „The Collapse of the Indus-Script Thesis: The Myth of a Literate Harappan Civilization”, *Electronic Journal of Vedic Studies* 11 (2004): 19-57.

6 Richard H. Meadow, ed., *Harappa Excavations 19861990: A Multidisciplinary Approach to Third Millennium Urbanism,* Prehistory Press, Madison, 1991; A. Lawler, „Indus Collapse: The End or the Beginning of an Asian Culture?”, *Science* 320 (2008): 1281-83.

7 Jaan Puhvel, *Comparative Mythology,* Johns Hopkins University Press, Baltimore, 1987.

8 Wright, *The Ancient Indus;* Possehl, *The Indus Civilization.*

9 Alfred Rosenberg, *The Myth of the Twentieth Century: An Evaluation of the Spiritual-Intellectual Confrontations of Our Age,* tra-ducerea în limba engleză Vivian Bird, Noontide Press, Torrance, 1982.

10 Leon Poliakov, *The Aryan Myth: A History of Racist and Nationalist Ideas in Europe,* Basic Books, New York, 1974.

11 B. Arnold, „The Past as Propaganda: Totalitarian Archaeology in Nazi Germany”, *Antiquity* 64 (1990): 464-78.

12 Bryan Ward-Perkis, *The Fall of Rome and the End of Civilization,* Oxford University Press, Oxford, 2005.

13 Peter Bellwood, *First Farmers: The Origins of Agricultural Societies,* Blackwell, Malden, 2005.

14 *Ibid.*

15 M. Witzel, „Substrate Languages in Old Indo-Aryan (Rgvedic, Middle and Late Vedic)”, *Electronic Journal of Vedic Studies* 5 (1999): I-67.

16 K. Thangaraj şi alţii, „Reconstructing the Origin of Andaman Islanders”, *Science* 308 (2005): 996; K. Thangaraj şi alţii, *„În situ* Origin of Deep Rooting Lineages of Mitocondrial Macrohaplogroup «M» in India”, *BMC Genomics 1* (2006): 151.

17 R. S. Wells şi alţii, „The Eurasian Heartland: A Continental Perspective on Y-chromosome Diversity”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 98 (2001): 10244-49; M. Bamshad şi alţii,
„Genetic Evidence on the Origins of Indian Caste Populations”, *Genome Research* 11 (2001): 994-1004; I. Thanseem şi alţii, „Genetic Affinities Among the Lower Castes and Tribal Groups of India: Inference from Y Chromosome and Mitocondrial DNA”, *BMC Genetics* 7 (2006): 42.

18 Thangaraj şi alţii, „Andaman Islanders”.

19 D. Reich şi alţii, „Reconstructing Indian Population History”, *Nature* 461 (2009): 489-94.

20 R. E. Green şi alţii, „A Draft Sequence of the Neandertal Genome”, *Science* 328 (2010): 710-22.

21 Thangaraj şi alţii, „Deep Rooting Lineages”.

22 Reich şi alţii, „Reconstructing Indian Population History”; P. Moor-jani şi alţii, „Genetic Evidence for Recent Population Mixture in India”, *American Journal of Human Genetics* 93 (2013): 422-38.

23 *Ibid.*

24 Irawati Karve, *Hindu Society – An Interpretation,* Deccan College Post Graduate and Research Institute, Pune, India, 1961.

25 P. A. Underhill şi alţii, „The Phylogenetic and

Geographic Structure of Y-Chromosome Haplogroup Ria", *European Journal of Human Genetics* 23 (2015): 124-31.

26 S. Perur, „The Origins of Indians: What Our Genes Are Telling Us", *Fountain Ink, 3* decembrie 2013, http://fountainink.in/?p=4669&all= 1.

27 K. Bryc şi alţii, „The Genetic Ancestry of African Americans, Latinos, and European Americans Across the United States", *American Journal of Human Genetics* 96 (2015): 37-53.

28 L. G. Carvajal-Carmona şi alţii, „Strong Amerind/White Sex Bias and a Possible Sephardic Contribution Among the Founders of a Population in Northwest Colombia", *American Journal of Human Genetics* 67 (2000): 128795; G. Bedoya şi alţii, „Admixture Dynamics in Hispanics: A Shift in the Nuclear Genetic Ancestry of a South American Population Isolate", *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 103 (2006): 7234-39.

29 Moorjani şi alţii, „Recent Population Mixture".

30 *Ibid.*

31 Romila Thapar, *Early India: From the Origins to AD 1300,* University of California Press, Berkeley, 2002; Karve, *Hindu Society;* Susan Bayly, *Caste, Society and Politics in India from the Eighteenth Century to the Modern Age,* Cambridge University Press, Cambridge, 1999; M. N. Srinivas, *Caste in Modern India and Other Essays,* Asia Publishing House, Bombay, 1962; Louis Dumont, *Homo Hierarchicus: The Caste System and Its Implications,* University of Chicago Press, Chicago, 1980.

32 Kumar Suresh Singh, *People of India: An Introduction* (People of India National Series), Oxford University Press, New Delhi, 2002; K. C. Malhotra, T. S. Vasulu, „Structure of Human Populations in India", in *Human Population Genetics: A Centennial Tribute to f B. S. Haldane,* ed. Partha P. Majumder, Plenum Press, New York, 1993, pp. 207-34.

33 Karve, „Hindu Society".

34 *Ibid.*

35 Nicholas B. Dirks, *Castes of Mind: Colonialism and*

*the Making of Modern India,* Princeton University Press, Princeton, 2001; N. Boivin, „Anthropological, Historical, Archaeological and Genetic Perspectives on the Origins of Caste in South Asia”, în *The Evolution and History of Human Populations in South Asia,* ed. Michael D. Petraglia, Bridget Allchin, Springer, Dordrecht, Ţările de Jos, r-v, pp. 341-62.

36 Reich şi alţii, „Reconstructing Indian Population History”.

37 M. Arcos-Burgos, M. Muenke, „Genetics of Population Isolates”, *Clinical Genetics* 61 (2002): 233-47.

38 N. Nakatsuka şi alţii, „The Promise of Discovering Population-Specific Disease-Associated Genes in South Asia”, *Nature Genetics* 49 (2017): 1403-7.

39 Reich şi alţii, „Reconstructing Indian Population History”.

40 I. Manoharan şi alţii, „Naturally Occurring Mutation Leu307Pro of Human Butyrylcholinesterase in the Vysya Community of India”, *Pharmacogenetics and Genomics* 16 (2006): 461-68.

41 A. E. Raz, „Can Population-Based Carrier Screening Be Left to the Community?”, *Journal of Genetic Counseling* 18(2009): 114-18.

42 I. Lazaridis şi alţii, „Genomic Insights into the Origin of Farming in the Ancient Near East”, *Nature* 536 (2016): 419-24; F. Broushaki şi alţii, „Early Neolithic Genomes from the Eastern Fertile Crescent”, *Science* 353 (2016): 499-503.

43 *Ibid.*

44 Lazaridis şi alţii, „Genomic Insights”.

45 Rezultate nepublicate din laboratorul lui David Reich. Capitolul 7. *în căutarea stămoşilor nativilor americani*

1 Betty Mindlin, *Unwritten Stories of the Surui Indians of Rondonia,* Institutul de Studii Latino-Americane; distribuit de University of Texas Press, Austin, 1995.

2 D. Reich şi alţii, „Reconstructing Native American Population History”, *Nature* 488 (2012): 370-74.

3 P. Skoglund şi alţii, „Genetic Evidence for Two Founding

Popula-tions of the Americas”, *Nature* 525 (2015):

1048.

4 P. D. Heintzman şi alţii, „Bison Phylogeography Constrains Dispersal and Viability of the Ice Free Corridor in Western Canada”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 113 (2016): 8057-63; M. W. Pedersen şi alţii, „Postglacial Viability and Colonization in North America’s Ice-Free Corridor”, *Nature* 537 (2016): 45-49.

5 Jose de Acosta, *Historia Natural y Moral de las Indias: En que se Tratan las Cosas Notables del Cielo y Elementos, Metales, Plantas y Animales de Ellas y los Ritos, Ceremonios, Leyes y Gobierno y Gue-rras de los Indios,* Juan de Leon, Sevilla, 1590.

6 David J. Meltzer, *First Peoples in a New World: Colonizing Ice Age America,* University of California Press, Berkeley, 2009.

7 J. H. Greenberg, C. G. Turner II, S. L. Zegura, „The Settlement of the Americas: A Comparison of the Linguistic, Dental, and Genetic Evidence”, *Current Anthropology 27* (1986): 477-97.

8 P. Forster, R. Harding, A. Torroni, H.-J. Bandelt, „Origin and Evolution of Native American mtDNA Variation: A Reappraisal”, *American Journal of Human Genetics* 59 (1996): 935-45; E. Tamm şi alţii, „Beringian Standstill and Spread of Native American Found-ers”, *PloS One* 2 (2017): e829.

9 T D. Dillehay şi alţii, „Monte Verde: Seaweed, Food, Medicine, and the Peopling of South America”, *Science* 320 (2008): 784-86.

10 D. L. Jenkins şi alţii, „Clovis Age Western Stemmed Projectile Points and Human Coprolites at the Paisley Caves”, *Science* 337 (2012): 223-28.

11 M. Rasmussen şi alţii, „The Genome of a Late Pleistocene Human from a Clovis Burial Site in Western Montana”, Nature *506* (2014): 225-29.

12 Povos Indigenas No Brasil, „Karitiana: Biopiracy and the Unauthorized Collection of Biomedical Samples”, https://pib.socioambiental.org/en/povo/karitiana/389.

13 N. A. Garrison, M. K. Cho, „Awareness and Acceptable Practices: IRB and Researcher Reflections

on the Havasupai Lawsuit", *AJOB Primary Research* 4 (2013): 55—63; A. Harmon, „Indian Tribe Wins Fight to Limit Research of Its DNA", *New York Times,* 21 aprilie 2010.

14 Ronald P. Maldonado, „Key Points for University Researchers When Considering a Research Project with the Navajo Nation", http://nptao.arizona.edu/sites/nptao/files/navajonationkeyi

15 Rebecca Skloot, *The Immortal Life of Henrietta Lacks,* Crown, New York, 2010.

16 B. L. Shelton, „Consent and Consultation in Genetic Research on American Indians and Alaska Natives", http://www.ipcb.org/publications/briefing_papers/files/conj

17 R. R. Sharp, M. W. Foster, „Involving Study Populations in the Review of Genetic Research", *Journal of Law, Medicine and Ethics* 28 (2000): 41-51; International HapMap Consortium, „The International HapMap Project", *Nature* 426 (2003): 789-96.

18 T. Egan, „Tribe Stops Study of Bones That Challenge History", *New York Times,* 30 septembrie 1996; Douglas W. Owsley, Richard L. Jantz, *Kennewick Man: The Scientific Investigation of an Ancient American Skeleton,* College Station: Texas A&M University Press, 2014; D. J. Meltzer, „Kennewick Man: Coming to Closure", *Antiquity* 348 (2015): 1485-93.

19 M. Rasmussen şi alţii, „The Ancestry and Affiliations of Kennewick Man", *Nature* 523 (2015): 455-58.

20 *Ibid.*

21 J. Lindo şi alţii, „Ancient Individuals from the North American Northwest Coast Reveal 10,000 Years of Regional Genetic Continuity", *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 114 (2017): 4093-98.

22 Samuel J. Redman, *Bone Rooms: From Scientific Racism to Human Prehistory in Museums,* Harvard University Press, Cambridge, Massachusetts şi Londra, 2016.

23 M. Rasmussen şi alţii, „An Aboriginal Australian Genome Reveals Separate Human Dispersals into Asia", *Science* 334 (2011): 94-98.

24 Rasmussen şi alţii, „Genome of a Late Pleistocene

Human”.

25 Rasmussen şi alţii, „Ancestry and Affiliations of Kennewick Man”.

26 A. S. Malaspinas şi alţii, „A Genomic History of Aboriginal Australia”, *Nature* 538 (2016): 207-14.

27 E. Callaway, „Ancient Genome Delivers «Spirit Cave Mummy» to US tribe”, *Nature* 540 (2016): 178-79.

28 *Ibid.*

29 M. Livi-Bacci, „The Depopulation of Hispanic America After the Conquest”, *Population and Development*

’eseardtweiş^rââi^MOg):ptiî9-232; Lewis H. Morgan, *Ancient Society; Or, Researches in the Lines of Human Progress from Savagery Through Barbarism to Civilization,* Charles H. Kerr, Chicago, 1909.

30 Reich şi alţii, „Reconstructing Native American scnt.htPo^ulation History”.

31 Lindo şi alţii, „Ancient Individuals”.

32 Lyle Campbell, Marianne Mithun, *The Languages of Native America: Historical and Comparative Assessment,* University of Texas Press, Austin, 1979.

33 L. Campbell, „Comment on Greenberg, Turner and Zegura”, *Current Anthropology 27* (1986): 488.

34 Peter Bellwood, *First Migrants: Ancient Migration in Global Perspective,* Wiley-Blackwell, Chichester, West Sussex, Marea Britanie / Malden, Massachusetts, 2013.

35 Reich şi alţii, „Reconstructing Native American Population History”.

36 W. A. Neves, M. Hubbe, „Cranial Morphology of Early Americans from Lagoa Santa, Brazil: Implications for the Settlement of the New World”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 102 (2005): 18309-14.

37 Rasmussen şi alţii, „Ancestry and Affiliations of Kennewick Man”.

38 P. Skoglund şi alţii, „Genetic Evidence for Two Founding Popula-tions of the Americas”, *Nature* 525 (2015): 104-

8.

39 Povos Indigenas No Brasil, „Surui Paiter:

Introduction”, https://pib.socioambiental.org/en/povo/surui-paiter; R. A. Butler, „Amazon Indians Use Google Earth, GPS to Protect Forest Home”, *Mongabay: News and Inspiration from Nature's Frontline,* 15 noiembrie 2006, https://news.mongabay.com/2006/11 /amazon-indians- use-google-earth-gps-to-protect-forest-home/.

40 „Kantiana: Biopiracy and the Unauthorized Collection”.

41 Povos Indigenas No Brasil, „Xavante: Introduction”, https://pib.socioambiental.org/en/povo/xavante.

42 M. Raghavan şi alţii, „Genomic Evidence for the Pleistocene and Recent Population History of Native Americans”, *Science* 349 (2015): aab3884.

43 E. I. Vajda, „A Siberian Link with Na-Dene Languages”, in *Anthropological Papers of the University of Alaska: New Series,* ed. lames M. Kari, Ben Austin Potter, 5 (2010): 33-99.

44 Reich şi alţii, „Reconstructing Native American Population History”.

45 M. Rasmussen şi alţii, „Ancient Human Genome Sequence of an Extinct Palaeo-Eskimo”, *Nature* 463 (2010): 757-62.

46 M. Raghavan şi alţii, „The Genetic Prehistory of the New World Arctic”, *Science* 345 (2014): 1255832.

47 P. Flegontov şi alţii, „Paleo-Eskimo Genetic Legacy Across North America”, *bioRxiv* (2017): doi.org/10.1101.203018.

48 Flegontov şi alţii, „Paleo-Eskimo Genetic Legacy”.

49 T. M. Friesen, „Pan-Arctic Population Movements: The Early Paleo-Inuit and Thule Inuit Migrations”, in *The Oxford Handbook of the Prehistoric Arctic,* ed. T Max Friesen, Owen K. Mason, Oxford University Press, New York, 2016, pp. 673-92.

50 Reich şi alţii, „Reconstructing Native American Population History”.

51 J. Diamond, P. Bellwood, „Farmers and Their Languages: The First Expansions”, *Science* 300 (2003): 597-603; Peter Bellwood, *First Farmers: The Origins of Agricultural Societies,* Blackwell, Malden, 2005.

52 R. R. da Fonseca şi alţii, „The Origin and Evolution

of Maize in the Southwestern United States", *Nature Plants* 1 (2015): 14003.

Capitolul 8. *Originea genomică a est-asiaticilor*

1 X. H. Wu şi alţii, „Early Pottery at 20,000 Years Ago in Xianrendong Cave, China", *Science* 336 (2012): 16961700.

2 R. X. Zhu şi alţii, „Early Evidence of the Genus *Homo* in East Asia", *Journal of Human Evolution 55* (2008): 107585.

3 C. C. Swisher III şi alţii, „Age of the Earliest Known Hominids in Java, Indonesia", *Science* 263 (1994): 1118— 21; Peter Bellwood, *First Islanders: Prehistory and Human Migration in Island Southeast Asia,* Wiley- Blackwell, Oxford, 2017.

4 D. Richter şi alţii, „The Age of the Hominin Fossils from Jebel Irhoud, Morocco, and the Origins of the Middle Stone Age", *Nature* 546 (2017): 293-96; J. G. Fleagle, Z. Assefa, E H. Brown, J. J. Shea, „Paleoanthropology of the Kibish Formation, Southern Ethiopia: Introduction", *Journal of Human Evolution 55* (2008): 360-65.

5 T. Sutikna şi alţii, „Revised Stratigraphy and Chronology for *Homo floresiensis* at Liang Bua in Indonesia", *Nature 532* (2016): 366-69.

6 Y. Ke şi alţii, „African Origin of Modern Humans in East Asia: A Tale of 12,000 Y Chromosomes", *Science* 292 (2001): 1151-53.

7 J. Qiu, „The Forgotten Continent: Fossil Finds in China Are Challeng-ing Ideas About the Evolution of Modern Humans and Our Closest Relatives", *Nature 535* (2016): 218-20.

8 R. J. Rabett, P. J. Piper, „The Emergence of Bone Technologies at the End of the Pleistocene in Southeast Asia: Regional and Evolutionary Implications", *Cambridge Archaeological Journal 22* (2012): 37-56; M. C. Langley, C. Clarkson, S. Ulm, „From Small Holes to Grand Narratives: The Impact of Taphonomy and Sample Size on the Modernity Debate in Australia and New Guinea", *Journal of*

*Human Evolution* 61 (2011): 197-208; M. Aubert şi alţii, „Pleis-tocene Cave Art from Sulawesi, Indonesia”, *Nature* 514 (2014): 223-27.

9 Langley, Clarkson, Ulm, „From Small Holes to Grand Narratives”; J. E Connell, J. Allen, “The Process, Biotic Impact, and Global Implications of the Human Colonization of Sahul About 47,000 Years Ago”, *Journal of Archaeological Science* 56 (2015): 73-84.

10 J.-J. Hublin, „The Modern Human Colonization of Western Eurasia: When and Where?”, *Quaternary Science Reviews* 118 (2015): 194-210.

HR. Foley, M. M. Lahr, „Mode 3 Technologies and the Evolution of Modern Humans”, *Cambridge Archaeological Journal* 7 (1997): 3-36.

12 M. M. Lahr, R. Foley, „Multiple Dispersals and Modern Human Origins”, *Evolutionary Anthropology* 3 (1994): 48-60.

13 H. Reyes-Centeno şi alţii, „Testing Modern Human Out- of-Africa Dispersal Models and Implications for Modern Human Origins”, *Journal of Human Evolution* 87 (2015): 95-106.

14 H. S. Groucutt şi alţii, „Rethinking the Dispersal of *Homo sapiens* Out of Africa”, *Evolutionary Anthropology* 24 (2015): 149-64.

15 R. Griin şi alţii, „U-series and ESR Analyses of Bones and Teeth Relating to the Human Burials from Skhul”, *Journal of Human Evolution* 49 (2005): 316-34.

16 S. J. Armitage şi alţii, „The Southern Route «Out of Africa»: Evidence for an Early Expansion of Modern Humans into Arabia”, *Science* 331 (2011): 453-56; M. D. Petraglia, „Trailblazers Across Africa”, *Nature* 470 (2011): 50-51.

17 M. Kuhlwilm şi alţii, „Ancient Gene Flow from Early Modern Humans into Eastern Neanderthals”, *Nature* 530 (2016): 429-33.

18 M. Rasmussen şi alţii, „An Aboriginal Australian Genome Reveals Separate Human Dispersals into Asia”, *Science* 334 (2011): 94-98.

19 D. Reich şi alţii, „Genetic History of an Archaic Hominin Group from Denisova Cave in Siberia”, *Nature* 468 (2010): 1053-60; M. Meyer şi alţii, „A

High-Coverage Genome Sequence from an Archaic Denisovan Individual", *Science* 338 (2012): 222-26.

20 S. Mallick şi alţii, „The Simons Genome Diversity Project: 300 Genomes from 142 Diverse Populations", *Nature* 538 (2016): 201-6.

21 Q. Fu şi alţii, „Genome Sequence of a 45,000-Year-01d Modern Human from Western Siberia", *Nature* 514 (2014): 445-49; S. Sankararaman, S. Mallick, N. Patterson, D. Reich, „The Combined Land-scape of Denisovan and Neanderthal Ancestry in Present-Day
Humans", *Current Biology* 26 (2016): 1241-47; P. Moorjani şi alţii, „A Genetic Method for Dating Ancient Genomes Provides a Direct Estimate of Human Generation Interval in the Last 45,000 Years", *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 113(2016): 5652-7

22 Mallick şi alţii, „Simons Genome Diversity Project"; M. Lipson, D. Reich, „A Working Model of the Deep Relationships of Diverse Modern Human Genetic Lineages Outside of Africa", *Molecular Biology and Evolution* 34 (2017): 889-902.

23 Mallick şi alţii, „Simons Genome Diversity Project"; A. S. Malaspinas şi alţii, „A Genomic History of Aboriginal Australia", *Nature* 538 (2016): 207-14; L. Pagani şi alţii, „Genomic Analyses Inform on Migration Events During the Peopling of Eurasia", *Nature* 538 (2016): 238-42.

24 Hublin, „Modern Human Colonization of Western Eurasia".

25 M. Raghavan şi alţii, „Upper Palaeolithic Siberian Genome Reveals Dual Ancestry of Native Americans", *Nature* (2013): doi: 10.1038/naturel2736.

26 Hugo Pan-Asian SNP Consortium, „Mapping Human Genetic Diversity in Asia", *Science* 326 (2009): 1541-45.

27 S. Ramachandran şi alţii, „Support from the Relationship of Genetic and Geographic Distance in Human Populations for a Serial Founder Effect Originating in Africa", *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 102 (2005): 1594247; B. M. Henn, L. L. Cavalli-Sforza, M. W.

Feldman, „The Great Human Expansion”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 109 (2012): 1775864.

28 L K. Pickrell, D. Reich, „Toward a New History and Geography of Human Genes Informed by Ancient DNA”, *Trends in Genetics* 30 (2014): 377-89.

29 Rezultate nepublicate din laboratorul lui David Reich.

30 V. Siska şi alţii, „Genome-Wide Data from Two Early Neolithic East Asian Individuals Dating to 7700 Years Ago”, *Science Advances* 3 (2017): el 601877.

31 Peter Bellwood, *First Farmers: The Origins of Agricultural Societies,* Blackwell, Malden, 2005.

32 J. Diamond, P Bellwood, „Farmers and Their Languages: lhe First Expansions”, *Science* 300 (2003): 597-603.

33 S. Xu şi alţii, Genomic Dissection of Population Substructure of Han Chinese and Its Implication in Association Studies”, *American Journal of Human Genetics* 85 (2009): 762-74; J. M. Chen şi alţii, „Genetic Structure of the Han Chinese Population Revealed by Genome-Wide SNP Variation”, *American Journal of Human Genetics* 85 (2009): 775-85.

34 B. Wen şi alţii, „Genetic Evidence Supports Demic Diffusion of Han Culture”, *Nature* 431 (2004): 302-5.

35 E H. Chen şi alţii, „Agriculture Facilitated Permanent Human Occupation of the Tibetan Plateau After 3600 B.P.”, *Science* 347 (2015): 248-50.

36 Rezultate nepublicate din laboratorul lui David Reich.

37 T. A. Jinam şi alţii, „Unique Characteristics of the Ainu Population in Northern Japan”, *Journal of Human Genetics* 60 (2015): 565-71.

38 *Ibid,;* P R. Loh şi alţii, „Inferring Admixture Histories of Human Populations Using Linkage Disequilibrium”, *Genetics* 193 (2013): 1233-54.

39 Rezultate nepublicate din laboratorul lui David Reich; Bellwood, *First Migrants,*

40 Diamond, Bellwood, „Farmers and Their

Languages”.

41 M. Lipson şi alţii, „Reconstructing Austronesian Population History in Island Southeast Asia”, *Nature Communications* 5 (2014): 4689.

42 R. Blench, „Was There an Austroasiatic Presence in Island Southeast Asia Prior to the Austronesian Expansion?”, *Bulletin of the Indo-Pacific Prehistory Association* 30 (2010): 133-44.

43 Bellwood, *First Migrants,*

44 A. Crowther şi alţii, „Ancient Crops Provide First Archaeological Signature of the Westward Austronesian Expansion”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A,* 113 (2016): 6635-40.

45 Lipson şi alţii, „Reconstructing Austronesian Population History”.

46 A. Wollstein şi alţii, „Demographic History of Oceania Inferred from Genome-Wide Data”, *Current Biology* 20 (2010): 1983-92; M. Kayser, „The Human Genetic History of Oceania: Near and Remote Views of Dispersal”, *Current Biology* 20 (2010): R194-201; E. Matisoo-Smith, „Ancient DNA and the Human Settlement of the Pacific: A Review”, *Journal of Human Evolution* 79 (2015): 93-104.

47 D. Reich şi alţii, „Denisova Admixture and the First Modern Human Dispersals into Southeast Asia and Oceania”, *American Journal of Human Genetics* 89 (2011): 516-28; P Skoglund şi alţii, „Genomic Insights into the Peopling of the Southwest Pacific”, *Nature* 538 (2016): 510-13.

48 R. Pinhasi şi alţii, „Optimal Ancient DNA Yields from the Inner Ear Part of the Human Petrous Bone”, *PLoS One* 10 (2015): e0129102.

49 Skoglund şi alţii, „Genomic Insights”.

50 *Ibid.*

51 Rezultate nepublicate din laboratorul lui David Reich şi din laboratorul lui Johannes Krause.

52 *Ibid.*

Capitolul 9. *Real ăt urarea A fricii la istoria omenirii*

1 ]. Lachance şi alţii, „Evolutionary History and Adaptation

from High-Coverage Whole-Genome Sequences of

Diverse African Hunter-Gatherers”, *Cell* 150 (2012): 457-69.

2 V. Plagnol, I. D. Wall, „Possible Ancestral Structure in Human Populations”, *PLoS Genetics* 2 (2006): el05; J. D. Wall, K. E. Lohmueller, V. Plagnol, „Detecting Ancient Admixture and Estimating Demographic Parameters in Multiple Human Populations”, *Molecular Biology and Evolution* 26 (2009): 1823-27.

3 M. E Hammer şi alţii, „Genetic Evidence for Archaic Admixture in Africa”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 108 (2011): 1512328.

4 K. Harvati şi alţii, „The Later Stone Age Calvaria from Iwo

Eleru, Nigeria: Morphology and Chronology”, *PLoS One* 6 (2011): e24024; I. Crevecoeur, A. Brooks, I. Ribot, E. Cornelissen, P. Semal, „The Late Stone Age Human Remains from Ishango (Democratic Republic of Congo): New Insights on Late Pleistocene Modern Human Diversity in Africa”, *American Journal of Physical Anthropology* 96 (2016): 35-57.

5 Rezultate nepublicate din laboratorul lui David Reich.

6 D. Richter şi alţii, „The Age of the Hominin Fossils from Jebel Irhoud, Morocco, and the Origins of the Middle Stone Age”, *Nature* 546 (2017): 293-96; I. G. Fleagle, Z.

Assefa, E H. Brown, J. I. Shea, „Paleoanthropology of the Kibish Formation, Southern Ethiopia: Introduction”, *Journal of Human Evolution* 55 (2008): 360-65.

7 H. Li, R. Durbin, „Inference of Human Population History

from Individual Whole-Genome Sequences”, *Nature* 475 (2011): 493-96.

8 Li, Durbin, „Inference of Human Population History”; K.

Priifer şi alţii, „The Complete Genome Sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains”, *Nature* (2013): doi: 10.1038/naturel2886.

9 P. H. Dirks şi alţii, „The Age of Homo Naledi and

Associated Sediments in the Rising Star Cave, South Africa", *eLife* 6 (2017): e24231.

101. Gronau şi alţii, „Bayesian Inference of Ancient Human Demography from Individual Genome Sequences", *Nature Genetics* 43 (2011): 1031-34.

IIP. Skoglund şi alţii, „Reconstructing Prehistoric African Population Structure", *Cell* 171 (2017): 5694.

12 S. Mallick şi alţii, „The Simons Genome Diversity Project: 300 Genomes from 142 Diverse Populations", *Nature* 538 (2016): 201-6; Gronau şi alţii, „Bayesian Inference".

13 S. A. Tishkoff şi alţii, „The Genetic Structure and History of Africans and African Americans", *Science* 324 (2009): 1035-44.

14 C. I. Holden, „Bantu Language Trees Reflect the Spread of Farming Across Sub-Saharan Africa: A MaximumParsimony Analysis", *Proceedings of the Royal Society B – Biological Sciences* 269 (2002): 793-99; P. de Maret, „Archaeologies of the Bantu Expansion", în *The Oxford Handbook of African Archaeology,* ed. Peter Mitchell, Paul I. Lane, Oxford University Press, Oxford, 2013, pp. 627-44.

15 K. Bostoen şi alţii, „Middle to Late Holocene Paleoclimatic Change and the Early Bantu Expansion in the Rain Forests of Western Central Africa", *Current Anthropology 56* (2016): 354-84; K. Manning şi alţii, ,,4,500-Year-01d Domesticated Pearl Millet *(Pennisetum glaucum)* from the Tilemsi Valley, Mali: New Insights into an Alternative Cereal Domestication Pathway", *Journal of Archaeological Science* 38 (2011): 312-22.

16 D. Killick, „Cairo to Cape: The Spread of Metallurgy Through Eastern and Southern Africa", *Journal of World Prehistory* 22 (2009): 399-414.

17 de Maret, „Archaeologies of the Bantu Expansion".

18 Holden, „Bantu Language Trees".

19 Bostoen şi alţii, „Middle to Late Holocene"; Manning şi alţii, „4,500-Year-01d".

20 D. J. Lawson, G. Hellenthal, S. Myers, D. Falush, „Inference of Population Structure Using Dense Haplotype Data", *PLoS Genetics* 8 (2012): el002453; G. Hellenthal şi alţii, „A Genetic Atlas of

Human Admixture History", *Science* 343 (2014): 747-51; C. de Filippo, K. Bostoen, M. Stoneking, B. Pakendorf, „Bringing Together Linguistic and Genetic Evidence to Test the Bantu Expansion", *Proceedings of the Royal Society B – Biological Sciences* 279 (2012): 3256-63; E. Patin şi alţii, „Dispersals and Genetic Adaptation of Bantu-Speaking Populations in Africa and North America", *Science* 356 (2017): 543-46; G. B. Busby şi alţii, „Admixture Into and Within Sub-Saharan Africa", *eLife* 5(2016): el5266.

21 Tishkoff şi alţii, „Genetic Structure and History"; G. Ayodo şi alţii, „Combining Evidence of Natural Selection with Association Analysis Increases Power to Detect Malaria-Resistance Variants", *American Journal of Human Genetics* 81 (2007): 234-42.

22 C. Ehret, „Reconstructing Ancient Kinship in Africa", în *Early Human Kinship: From Sex to Social Reproduction,* ed. Nicholas 1. Allen, Hilary Callan, Robin Dunbar, Wendy lames, Blackwell, Malden, 2008, pp. 200-31; C. Ehret, S. O. Y. Keita, P. Newman, „The Origins of Afroasiatic", *Science* 306 (2004): 1680-81.

23 J. Diamond, P. Bellwood, „Farmers and Their Languages: Hie First Expansions", *Science* 300 (2003): 597-603; P. Bellwood, „Response to Ehret şi alţii «The Origins of Afroasiatic»", *Science* 306 (2004): 1681.

24 D. Q. Fuller, E. Hildebrand, „Domesticating Plants in Africa", in *The Oxford Handbook of African Archaeology,* ed. Peter Mitchell, Paul J. Lane, Oxford University Press, Oxford, 2013, pp. 507-26; M. Madelia şi alţii, „Microbotanical Evidence of Domestic Cereals in Africa 7000 Years *Ago", PLoS One* 9 (2014): el 10177.

25 I. Lazaridis şi alţii, „Genomic Insights into the Origin of Farming in the Ancient Near East", *Nature* 536 (2016): 419-24; Skoglund şi alţii, „Reconstructing Prehistoric African Population Structure".

26 Lazaridis şi alţii, „Genomic Insights"; Skoglund şi alţii, „Reconstructing Prehistoric African Population Structure"; V. J. Schuene-mann şi alţii, „Ancient

Egyptian Mummy Genomes Suggest an Increase of Sub-Saharan African Ancestry in Post-Roman Periods", *Nature Communications* 8 (2017): 15694.

27 T. Guldemann, „A Linguist's View: Khoe-Kwadi Speakers as the Earliest Food-Producers of Southern Africa", *Southern African Humanities* 20 (2008): 93-132.

28 J. K. Pickrell şi alţii, „Ancient West Eurasian Ancestry in Southern and Eastern Africa", *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* lll (2014): 2632-37.

29 Pagani şi alţii, „Ethiopian Genetic Diversity".

30 Skoglund şi alţii, „Reconstructing Prehistoric African Population Structure".

31 Luigi Luca Cavalli-Sforza, Francesco Cavalli-Sforza, *The Great Human Diasporas: The History of Diversity and Evolution,* Addison-Wesley, Reading, 1995.

32 M. Gallego Llorente şi alţii, „Ancient Ethiopian Genome Reveals Extensive Eurasian Admixture Throughout the African Continent", *Science* 350 (2015): 820-22.

33 Donald N. Levine, *Greater Ethiopia: The Evolution of a Multiethnic Society,* University of Chicago Press, Chicago, 2000.

34 L. Van Dorp şi alţii, „Evidence for a Common Origin of Blacksmiths and Cultivators in the Ethiopian Ari Within the Last 4500 Years: Lessons for Clustering-Based Inference", *PLoS Genetics* 11 (2015): el005397.

35 D. Reich şi alţii, „Reconstructing Indian Population History", *Nature* 461 (2009): 489-94.

36 Skoglund şi alţii, „Reconstructing Prehistoric African Population Structure".

37 *Ibid.*

38 *Ibid.*

39 J. K. Pickrell şi alţii, „The Genetic Prehistory of Southern Africa", *Nature Communications* 3 (2012): 1143; C. M. Schlebusch şi alţii, „Genomic Variation in Seven Khoe- San Groups Reveals Adaptation and Complex African History", *Science* 338 (2012): 374-79; Mallick şi alţii, „Simons Genome Diversity Project".

40 M. E. Prendergast şi alţii, „Continental Island Formation and the Archaeology of Defaunation on Zanzibar,
Eastern Africa”, *PLoS One* 11 (2016): e0149565.
41 Skoglund şi alţii, „Reconstructing Prehistoric African Population Structure”.
42 P. Ralph, G. Coop, „Parallel Adaptation: One or Many Waves of Advance of an Advantageous Allele?”, *Genetics* 186 (2010): 647-68.
43 S. A. Tishkoff şi alţii, „Convergent Adaptation of Human Lactase Persistence in Africa and Europe”, *Nature Genetics* 39 (2007): 31-40.
44 Ralph, Coop, „Parallel Adaptation”.

Capitolul 10. *Genomica inegalităţilor*

1 Peter Wade, *Race and Ethnicity in Latin America,* Pluto Press, Londra şi New York, 2010.
2 Trans-Atlantic Slave Trade Database, www.slavevoyages.org/assessment/estimates.
3 K. Bryc şi alţii, „The Genetic Ancestry of African Americans, Latinos, and European Americans Across the United States”, *American Journal of Human Genetics* 96 (2015): 37-53.
4 Piers Anthony, *Race Against Time,* Hawthorn Books, New York, 1973.
5 Primul recensământ federal din 1790 a înregistrat 292 627 sclavi bărbaţi, în Virginia, dintr-o populaţie totală de bărbaţi de 747 610; disponibil online pe www.nationalgeographic.org/media/us-census-1790/.
6 Joshua D. Rothman, *Notorious in the Neighborhood: Sex and Families Across the Color Line in Virginia, 17871861,* University of North Carolina Press, Chapel Hill, 2003.
7 E. A. Foster şi alţii, „Jefferson Fathered Slave’s Last Child”, Nature 396 (1998): 27-28.
8 „Statement on the TJMF Research Committee Report on Thomas Jefferson and Sally Hemings”, 26 ianuarie 2000, disponibil online pe

https://www.monticello.org/sites/default/files/inline-pdfs/jefferson-hemings_report.pdf.

9 M. Hemings, „Life Among the Lowly, No. 1”, *Pike County (Ohio) Republican,* 13 martie 1873.

10 E. J. Parra şi alţii, „Ancestral Proportions and Admixture Dynamics in Geographically Defined African Americans Living in South Carolina”, *American Journal of Physical Anthropology* 114 (2001): 18-29.

11 *Ibid.*

12 Bryc şi alţii, „Genetic Ancestry”.

13 J. N. Fenner, „Cross-Cultural Estimation of the Human Generation Interval for Use in Genetics-Based Population Divergence Studies”, *American Journal of Physical Anthropology* 128 (2005): 415-23.

14 David Morgan, *The Mongols,* Blackwell, Malden, Massachusetts, şi Oxford, 2007.

15 T. Zerjal şi alţii, „The Genetic Legacy of the Mongols”, *American Journal of Human Genetics* 72 (2003): 717-21.

16 L. T. Moore şi alţii, „A Y-Chromosome Signature of Hegemony in Gaelic Ireland”, *American Journal of Human Genetics* 78 (2006): 334-38.

17 S. Lippold şi alţii, „Human Paternal and Maternal Demographic Histories: Insights from High-Resolution Y Chromosome and mtDNA Sequences”, *Jnvestigative Genetics* 5 (2014): 13; M. Karmin şi alţii, „A Recent Bottleneck of Y Chromosome Diversity Coincides with a Global Change in Culture”, *Genome Research* 25 (2015): 459-66.

18 *Jbid.*

19 A. Sherratt, „Plough and Pastoralism: Aspects of the Secondary Products Revolution”, in *Pattern of the Past: Studies in Honour of David Clarke,* ed. Ian Hodder, Glynn Isaac, Norman Hammond, Cambridge University Press, Cambridge, 1981, pp. 261-306.

20 David W. Anthony, *The Horse, the Wheel, and Language: How Bronze-Age Riders from the Eurasian Steppes Shaped the Modern World,* Princeton University Press, Princeton, 2007.

21 W. Haak şi alţii, „Massive Migration from the Steppe Was a Source for Indo-European Languages in Europe”, *Nature 522* (2015): 207-11; M. E. Alientoft şi alţii, „Population Genomics of Bronze Age Eurasia”, *Nature* 522 (2015): 167-72.

22 E. Murph, A. Khokhlov, „A Bioarchaeological Study of Prehistoric Populations from the Volga Region”, in A *Bronze Age Landscape in the Russian Steppes: The Samara Valley Project, Monumenta Archaeologica 37,* ed. David W. Anthony, Dorcas R. Brown, Aleksandr A. Khokhlov, Pavel V. Kuznetsov, Oleg D. Mochalov, Cotsen Institute of Archaeology Press, Los Angeles, 2016, pp. 149-216.

23 Marija Gimbutas, *The Prehistory of Eastern Europe, Part I: Mesolithic, Neolithic and Copper Age Cultures in Russia and the Baltic Area* (American School of Prehistoric Research, Harvard University, Bulletin No. 20), Peabody Museum, Cambridge, 1956.

24 Haak şi alţii, „Massive Migration”.

25 R. S. Wells şi alţii, „The Eurasian Heartland: A Continental Perspective on Y-Chromosome Diversity”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 98 (2001): 10244-49.

26 R. Martiniano şi alţii, „The Population Genomics of Archaeological Transition in West Iberia: Investigation of Ancient Substructure Using Imputation and Haplotype-Based Methods”, *PLoS Genetics* 13 (2017): el006852.

27 M. Silva şi alţii, „A Genetic Chronology for the Indian Subcontinent Points to Heavily Sex-Biased Dispersals”, *BMC Evolutionary Biology* 17 (2017): 88.

28 Martiniano şi alţii, „West Iberia”; rezultate nepublicate din laboratorul lui David Reich.

29 J. A. Tennessen şi alţii, „Evolution and Functional Impact of Rare Coding Variation from Deep Sequencing of Human Exomes”, *Science* 337 (2012): 64-69.

30 A. Keinan, I. C. Mullikin, N. Patterson, D. Reich, „Accelerated Genetic Drift on Chromosome X During the Human Dispersal out of Africa”, *Nature Genetics* 41 (2009): 66-70; A. Keinan, D. Reich,

„Can a Sex-Biased Human Demography Account for the Reduced Effective Population Size of Chromosome X in Non-Africans?”, *Molecular Biology and Evolution 27* (2010): 2312-21.

31 P. Verdu şi alţii, „Sociocultural Behavior, Sex-Biased Admixture, and Effective Population Sizes in Central African Pygmies and Non-Pygmies”, *Molecular Biology and Evolution* 30 (2013): 918-37.

32 S. Mallick şi alţii, „The Simons Genome Diversity Project: 300 Genomes from 142 Diverse Populations”, *Nature* 538 (2016): 201-6.

33 L. G. Carvajal-Carmona şi alţii, „Strong Amerind/White Sex Bias and a Possible Sephardic Contribution Among the Founders of a Population in Northwest Colombia”, *American Journal of Human Genetics* 67 (2000): 1287-

34 Bedoya şi alţii, „Admixture Dynamics in Hispanics: A Shift in the Nuclear Genetic Ancestry of a South American Population Isolate”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 103 (2006): 7234-39.

35 P. Moorjani şi alţii, „Genetic Evidence for Recent Population Mixture in India”, *American Journal of Human Genetics* 93 (2013): 422-38.

36 M. Bamshad şi alţii, „Genetic Evidence on the Origins of Indian Caste Populations”, *Genome Research* 11 (2001): 994-1004; D. Reich şi alţii, „Reconstructing Indian Population History”, *Nature* 461 (2009): 489-94.

37 Bamshad şi alţii, „Genetic Evidence”; I. Thanseem şi alţii, „Genetic Affinities Among the Lower Castes and Tribal Groups of India: Inference from Y Chromosome and Mitocondrial DNA”, *BMC Genetics* 7 (2006): 42.

38 M. Kayser, „The Human Genetic History of Oceania: Near and Remote Views of Dispersal”, *Current Biology* 20 (2010): R194-201; P. Skoglund şi alţii, „Genomic Insights into the Peopling of the Southwest Pacific”, *Nature* 538 (2016): 510-13.

39 E M. Iordan, R. D. Gray, S. I. Greenhill, R. Mace, „Matrilocal Residence Is Ancestral in Austronesian Societies”, *Proceedings of the Royal Society B – Biological Sciences* 276 (2009): 1957-64.

40 Skoglund şi alţii, „Genomic Insights”.

41 I. Lazaridis, D. Reich, „Failure to Replicate a Genetic Signal for Sex Bias in the Steppe Migration into Central Europe”, Proceedings *of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 114 (2017): E3873-74.

Capitolul 11. *Genomica rasei şi a identităţii*

1 Centers for Disease Control and Prevention, „Prostate Cancer Rates by Race and Ethnicity”, https://www.cdc.gov/cancer/prostate/statistics/race.htm.

2 N. Patterson şi alţii, „Methods for High-Density Admixture Map-ping of Disease Genes”, *American Journal of Human Genetics* 74 (2004): 979-1000; M. W. Smith şi alţii, „A High-Density Admixture Map for Disease Gene Discovery in African Americans”, *American Journal of Human Genetics* 74 (2004): 1001-13.

3 M. L. Freedman şi alţii, „Admixture Mapping Identifies 8q24 as a Prostate Cancer Risk Locus in African-American Men”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 103 (2006): 14068-73.

4 C. A. Haiman şi alţii, „Multiple Regions within 8q24 Independently Affect Risk for Prostate Cancer”, *Nature Genetics* 39 (2007): 638-44.

5 Freedman şi alţii, „Admixture Mapping Identifies 8q24”.

6 M. E Ashley Montagu, *Man's Most Dangerous Myth: The Fallacy of Race,* Columbia University Press, New York, 1942.

7 R. C. Lewontin, „The Apportionment of Human Diversity”, *Evolu-tionary Biology* 6 (1972): 381-98.

8 J. M. Stevens, „The Feasibility of Government Oversight for NIH-Funded Population Genetics Research”, in *Revisiting Race in a Genomic Age* (Studies in Medical Anthropology), ed. Barbara A. Koenig, Sandra Soo-Jin Lee, Sarah S. Richardson, Rutgers University Press, New Brunswick, 2008, pp. 320-41; J. Stevens, „Racial Meanings and Scientific Methods: Policy Changes for NIH-Sponsored Publications Reporting Human Variation”, *Journal of Health Policy, Politics and Law* 28 (2003): 1033-87.

9 N. A. Rosenberg şi alţii, „Genetic Structure of Human Popula-tions”, *Science* 298 (2002): 2381-85.
10 D. Serre, S. Pääbo, „Evidence for Gradients of Human Genetic Diversity Within and Among Continents”, Genome Research 14 (2004): 1679-85; E B. Livingstone, „On the Non-Existence of Human Races”, *Current Anthropology* 3 (1962): 279.
11 J. Dreyfuss, „Getting Closer to Our African Origins”, *The Root,* 17 octombrie 2011, www.theroot.com/getting- closer-to-our-african-origins-1790866394.
12 N. A. Rosenberg şi alţii, „Clines, Clusters, and the Effect of Study Design on the Inference of Human Population Structure”, *PLoS Genetics* 1 (2005): e70.
13 E. G. Burchard şi alţii, „The Importance of Race and Ethnic Background in Biomedical Research and Clinical Practice”, *New England Journal of Medicine* 348 (2003): 1170-75.
14 J. F. Wilson şi alţii, „Population Genetic Structure of Variable Drug Response”, *Nature Genetics* 29 (2001): 265-69.
15 D. Fullwiley, „The Biologistical Construction of Race: «Admixture» Technology and the New Genetic Medicine", *Social Studies of Science* 38 (2008): 695-735.
16 Lewontin, „The Apportionment of Human Diversity”; A. R. Templeton, „Biological Races in Humans”, *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Science* 44 (2013): 262-71.
17 *Razib Khan,* www.razib.com/wordpress.
18 *Dienekes’ Anthropology Blog,* dienekes.blogspot.com.
19 *Eurogenes Blog,* http://eurogenes.blogspot.com.
20 Leon Poliakov, *The Aryan Myth: A History of Racist and Nationalist Ideas in Europe,* Basic Books, New York, 1974.
21 B. Arnold, „The Past as Propaganda: Totalitarian Archaeology in Nazi Germany”, *Antiquity* 64 (1990): 464-78.
22 J. K. Pritchard, J. K. Pickrell, G. Coop, „The Genetics of Human Adaptation: Hard Sweeps, Soft Sweeps, and Polygenic Adaptation”, *Current Biology* 20 (2010): R208- 15; R. D. Hernandez şi alţii, „Classic Selective

Sweeps Were Rare in Recent Human Evolution”, *Science* 331 (2011): 920-24.

23 M. C. Turchin şi alţii, „Evidence of Widespread Selection on Stand-ing Variation in Europe at Height-Associated SNPs”, *Nature Genetics* 44 (2012): 1015-19.

24 Y. Field şi alţii, „Detection of Human Adaptation During the Past 2000 Years”, *Science* 354 (2016): 760-64.

25 A. Okbay şi alţii, „Genome-Wide Association Study Identifies 74 Loci Associated with Educational Attainment”, *Nature* 533 (2016): 539-42.

26 Pentru a evalua diferenţa prognozată în privinţa numărului de ani de studiu, dintre cei 5% cu predicţia genetică cea mai înaltă şi cei 5% cu predicţie genetică cea mai scăzută, bazându-mă pe cifrele studiului din 2016 realizat de Benjamin şi colegii, am efectuat următorul calcul: (1) Numărul de ani de studiu în grupul analizat de Benjamin şi colegii săi este de 14,3 ± 3,7. Am estimat o abatere standard de 3,7 ani, deoarece studiul estimează dimensiunea efectului în săptămâni ca având „abaterea standard cuprinsă între 0,014 – 0,048 per alelă (asta însemnând de la 2,7 până la 9,0 săptămâni de şcoală)”. Aceste numere se traduc prin 188 ( = 9.0 / 0.048) până la 193 ( = 2.7 / 0.014) săptămâni. împărţind la 52 de săptămâni, cât are un an, rezultă 3,7 ani. (2) Benjamin şi colegii au semnalat, de asemenea, un predictor genetic al numărului de ani de studiu, care explică 3,2% din variaţia trăsăturii. Prin urmare, corelaţia dintre valoarea prezisă şi valoarea reală este V0.032 = 0.18. Putem modela matematic acest lucru folosind o distribuţie normală bidimensională. (3) Probabilitatea ca o persoană din rândul celor 5% cu predicţia genetică cea mai scăzută în distribuţia prezisă (abateri standard cu 1,64 mai scăzute decât media) să aibă mai mult de 12 ani de studiu este deci dată de proporţia de indivizi care se găsesc în rândul celor 5% cu predicţia genetică cea mai scăzută şi care au mai mult de 12 ani de studiu (lucru care poate fi calculat prin măsurarea ariei unei distribuţii normale bidimensionale care îndeplineşte aceste criterii)

împărţit la 0,05. Acest calcul dă o probabilitate de 60%. Un calcul asemănător pentru proporţia de persoane dintre primii 5% din distribuţia prezisă dă o valoare de 84%. (4) Studiul lui Benjamin sugerează, de asemenea, că, în condiţiile în care ar fi disponibile suficiente probe, ar fi posibil să se construiască un predictor genetic de încredere, care să justifice o variaţie de 20%. Refăcând calculele folosind 20% în loc de 3,2%, s-a ajuns la predicţia că 37% dintre cei cuprinşi în ultimii 5% din distribuţia prezisă vor atinge 12 ani de studiu, comparativ cu 96% dintre cei cuprinşi în primii 5% în distribuţia respectivă.

27 A. Kong şi alţii, „Selection Against Variants in the Genome Associated with Educational Attainment”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A,* 114(2017): E727-32.

28 Kong şi alţii, „Selection Against Variants”, estimează că numărul prognozat genetic de ani de studiu a scăzut după o deviaţie standard estimată la 0,1 în ultimul secol, sub presiunea selecţiei naturale.

29 G. Davies şi alţii, „Genome-Wide Association Study of Cognitive Functions and Educational Attainment in UK Biobank (N=112 151)”, *Molecular Psychiatry* 21 (2016): 758-67; M. T. Lo şi alţii, „Genome-Wide Analyses for Personality Traits Identify Six Genomic Loci and Show Correlations with Psychiatric Disorders”, *Nature Genetics* 49 (2017): 152-56.

30 S. Sniekers şi alţii, „Genome-Wide Association Meta-Analysis of 78,308 Individuals Identifies New Loci and Genes Influencing Human Intelligence”, *Nature Genetics* 49 (2017): 1107-12.

31 L Mathieson şi alţii, „Genome-wide Patterns of Selection in 230 Ancient Eurasians”, *Nature* 528 (2015): 499-503; Field şi alţii, „Detection of Human Adaptation”.

32 N. A. Rosenberg şi alţii, „Genetic Structure of Human Popula-tions”, *Science* 298 (2002): 2381-85.

33 S. Ramachandran şi alţii, „Support from the Relationship of Genetic and Geographic Distance in Human Populations for a Serial Founder Effect Originating in Africa”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 102 (2005): 1594247; B. M. Henn, L. L. Cavalli-Sforza, M. W.

Feldman, „The Great Human Expansion”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 109 (2012): 1775864.

34 J. K. Pickrell, D. Reich, „Toward a New History and Geography of Human Genes Informed by Ancient DNA”, *Trends in Genetics* 30 (2014): 377-89.

35 M. Raghavan şi alţii, „Upper Palaeolithic Siberian Genome Reveals Dual Ancestry of Native Americans”, Nature (2013): doi: 10.1038/nature 12736.

36 I. Lazaridis şi alţii, „Genomic Insights into the Origin of Farming in the Ancient Near East”, *Nature* 536 (2016): 419-24.

37 Nicholas Wade, A *Troublesome Inheritance: Genes, Race and Human History,* Penguin Press, New York, 2014.

38 G. Coop şi alţii, „A Troublesome Inheritance” (scrisori către editor), *New York Times,* 8 august 2014.

39 G. Cochran, J. Hardy, H. Harpending, „Natural History of Ashkenazi Intelligence”, *Journal of Biosocial Science* 38 (2006): 659-93.

40 P. E Palamara, T. Lencz, A. Darvasi, 1. Pe’er, „Length Distribu-tions of Identity by Descent Reveal Fine-Scale Demographic History”, *American Journal of Human Genetics* 91 (2012): 809-22; M. Slatkin, „A Population- Genetic Test of Founder Effects and Implications for Ashkenazi Jewish Diseases”, *American Journal of Human Genetics* 75 (2004): 282-93.

41 H. Harpending, „The Biology of Families and the Future

of Civilization” (minutul 38), Preserving Western Civilization, 2009 Conference, înregistrare audio disponibilă online pe www.preservingwesternciv.com/audio/07%20Prof._Henry_;

The_Biology_of_Families_and_the_Future_of_Civilization.rr (2009).

42 G. Clark, „Genetically Capitalist? The Malthusian Era, Institutions and the Formation of Modern Preferences” (2007), www.econ.ucdavis.edu/faculty/gclark/papers/Capitalism%2 Gregory Clark, A *Farewell to Alms: A Brief*

*Economic History of the World,* Princeton University Press, Princeton, 2007.

43 Wade, A *Troublesome Inheritance.*

44 C. Hunt-Grubbe, „The Elementary DNA of Dr. Watson”, *The Sunday Times,* 14 octombrie 2017.

45 Coop şi alţii letters, *New York Times.*

46 David Epstein, *The Sports Gene: Inside the Science of Extraordinary Athletic Performance,* Current, New York, 2013.

47 *Ibid.*

48 Am calculat în felul următor. (1) A 99,9999999 percentilă a unei trăsături corespunde cu 6,0 abateri standard de la medie, în timp ce percentilă 99,99999 corespunde cu 5,2 abateri standard. Astfel, o modificare cu 0,8 a abaterii standard corespunde unei creşteri de o sută de ori a numărului de indivizi. (2) Am presupus că variaţia genetică de 1,33 de ori mai crescută la populaţia africană subsaharianã se aplică nu numai mutaţiilor randomiale din genom, ci şi celor care modulează trăsăturile biologice. Abaterea standard ar fi de aşteptat să fie de 1,15= Vl-33 ori mai mare la africanii subsaharieni, în conformitate cu formula lui J. J. Berg şi G. Coop, „A Population Genetic Signal of Polygenic Adaptation”, *PLoS Genetics 10* (2014): el004412, prin urmare, o abatere standard limită, de 6,0 de la non- africani, ar corespunde unei deviaţii de 5,2 = 6,0 / 1,15 din cea a africanilor subsaharieni, care să conducă la aceeaşi creştere prezisă, de o sută de ori, dincolo de a 99,9999999 percentilă.

49 W. Haak şi alţii, „Massive Migration from the Steppe Was a Source for Indo-European Languages in Europe”, *Nature* 522 (2015): 207-11; M. E. Allentoft şi alţii, „Population Genomics of Bronze Age Eurasia”, *Nature* 522 (2015): 167-72.

Har^nElingeich şi alţii, „Reconstructing Indian Population History”, *Nature* 461 (2009): 489-94; Lazaridis şi alţii, ip3 „Genomic Insights”.

51 Michael E Robinson, *The Lost White Tribe: Explorers, Scientists, and the Theory That Changed a Continent,* Oxford University Press, New York, 2016.

52 Alex Haley, *Roots: The Saga of an American Family,* OGeneDjqaaBJeday, New York, 1976.

53 „Episode 4: (2010) Know Thyself” (minutul 17) în *Faces of America with Henry Louis Gates Jr.,* http://www.pbs.org/wnet/facesofamerica/video/episode- 4-know -thyself/237/.

54 African Ancestry, „Frequently Asked Questions”, „About the Results”, întrebarea 3 (2016), http://www.africanancestry.com/faq/.

55 Dreyfuss, „Getting Closer to Our African Origins”.

56 S. Sailer, „African Ancestry Inc. Traces DNA Roots”, *United Press International,* 28 aprilie 2003, www.upi.com/inc/view.php?StoryID=20030428-074922-7714r.

57 Rezultate nepublicate din laboratorul lui David Reich.

58 H. Schroeder şi alţii, „Genome-Wide Ancestry of 17th- Century Enslaved Africans from the Caribbean”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 112 (2015): 3669-73.

59 R. E. Green şi alţii, „A Draft Sequence of the Neanderthal Genome”, *Science* 328 (2010): 710-22.

60 E. Durand, 23andMe: „White Paper 23-05: Neanderthal Ancestry Estimator” (2011), https://23andme.https.internapcdn.net/res/pdf/hXitekfSJel -Q72XA_23-05_Neanderthal_Ancestry.pdf; S. Sankararaman şi alţii, „The Genomic Landscape of Neanderthal Ancestry in Present-Day Humans”, *Nature* 507 (2014): 354-57.

61 Sankararaman şi alţii, „Genomic Landscape”.

62 https://customercare.23andme.com/hc/en- us/articles/212873707-Neanderthal -Report-Basics, #13514.

Capitolul 12. *Viitorul ADN-ului ancestral*

1 J. R. Arnold, W. F. Libby, „Age Determinations by Radiocarbon Content – Checks with Samples of Known Age”, *Science* 110(1949): 678-80.

2 Colin Renfrew, *Before Civilization: The Radiocarbon Revolution and Prehistoric Europe,* Jonathan Cape,

Londra, 1973.

3 Lewis R. Binford, *În Pursuit of the Past: Decoding the Archaeological Record,* University of California Press, Berkeley, 1983.

4 M. Rasmussen şi alţii, „Ancient Human Genome Sequence of an Extinct Palaeo-Eskimo”, *Nature* 463 (2010): 757-62; M. Rasmussen şi alţii, „The Genome of a Late Pleistocene Human from a Clovis Burial Site in Western Montana”, *Nature* 506 (2014): 225-29; M. Raghavan şi alţii, „Upper Palaeolithic Siberian Genome Reveals Dual Ancestry of Native Americans”, *Nature* (2013): doi: 10.1038/nature 12736.

5 P. Skoglund şi alţii, „Genomic Insights into the Peopling of
the Southwest Pacific”, *Nature* 538 (2016): 510-13.

6 J. Dabney şi alţii, „Complete Mitocondrial Genome Sequence of a Middle Pleistocene Cave Bear Reconstructed from Ultrashort DNA Fragments”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 110 (2013): 15758-63; M. Meyer şi alţii, „A High- Coverage Genome Sequence from an Archaic Denisovan Individual”, *Science* 338 (2012): 222-26; Q. Fu şi alţii, „DNA Analysis of an Early Modern Human from Tianyuan Cave, China”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 110 (2013): 2223-27;
R. Pinhasi şi alţii, „Optimal Ancient DNA Yields from the Inner Ear Part of the Human Petrous Bone”, *PLoS One* 10 (2015): e0129102.

IcIyTL Lazaridis şi alţii, „Genomic Insights into the Origin of Farming in the Ancient Near East”, *Nature* 536 (2016): 419-24.

8 I. Olalde şi alţii, „The Beaker Phenomenon and the Genomic Transformation of Northwest Europe”, *bioRxiv* (2017): doLorg/10.1101/135962.

9 P. E Palamara, T. Lencz, A. Darvasi, I. Pe’er, „Length Distributions of Identity by Descent Reveal Fine-Scale Demographic History”, *American Journal of Human Genetics* 91 (2012): 809-22; D. J. Lawson, G. Hellenthal,
S. Myers, D. Falush, „Inference of population structure using dense haplotype data”, *PLoS*

*Genetics 8* (2012): e!002453.
IOS. Leslie şi alţii, „The Fine-Scale Genetic Structure of the British Population”, *Nature* 519 (2015): 309-14.
11 S. R. Browning, B. L. Browning, „Accurate Non-parametric Estimation of Recent Effective Population Size from Segments of Identity by Descent”, *American Journal of Human Genetics* 97 (2015): 404-18.
12 M. Lynch, „Rate, Molecular Spectrum, and Consequences of Human Mutation”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 107 (2010): 961-68; A. Kong şi alţii, „Selection Against Variants in the Genome Associated with Educational Attainment”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 114(2017): E727-32.
13 J. K. Pritchard, J. K. Pickrell, G. Coop, „The Genetics of Human Adaptation: Hard Sweeps, Soft Sweeps, and Polygenic Adaptation”, *Current Biology* 20 (2010): R208- 15.
14 S. Haensch şi alţii, „Distinct Clones of *Yersinia pestis* Caused the Black Death”, *PLoS Pathogens* 6 (2010): el001134; K. I. Bos şi alţii, „A Draft Genome of Yersinia pestis from Victims of the Black Death”, *Nature* 478 (2011): 506-10.
15 1. Wiechmann, G. Grupe, „Detection of *Yersinia pestis* DNA in Two Early Medieval Skeletal Finds from Aschheim (Upper Bavaria, 6th Century AD)”, *American Journal of Physical Anthropology* 126 (2005): 48-55; D. M. Wagner şi alţii, *„Yersinia pestis* and the Plague of Justinian 541-543 AD: A Genomic Analysis”, *Lancet Infectious Diseases* 14 (2014): 319-26.
16 S. Rasmussen şi alţii, „Early Divergent Strains of *Yersinia pestis* in Eurasia 5,000 Years Ago”, *Cell* 163 (2015): 57182.
17 P. Singh şi alţii, „Insight into the Evolution and Origin of Leprosy Bacilli from the Genome Sequence of Mycobacterium lepromatosis”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 112 (2015): 4459-64.
18 K. I. Bos şi alţii, „Pre-Columbian Mycobacterial

Genomes Reveal Seals as a Source of New World Human Tuberculosis”, *Nature* 514 (2014): 494-97.
19 K. Yoshida şi alţii, „The Rise and Fall of the *Phytophthora infestans* Lineage That Triggered the Irish Potato Famine”, *eLife 2* (2013): e00731.
20 C. Warinner şi alţii, „Pathogens and Host Immunity in the Ancient Human Oral Cavity”, *Nature Genetics* 46 (2014): 336-44.
21 T. Higham şi alţii, „The Timing and Spatiotemporal Patterning of Neanderthal Disappearance”, *Nature* 512 (2014): 306-9.
22 E. Callaway, „Ancient Genome Delivers «Spirit Cave Mummy» to US Tribe”, *Nature* 540 (2016): 178-79.

# MULŢUMIRI

Să începem cu începutul. Această carte a izvorât din intensa colaborare, vreme de un an, cu soţia mea, Eugenie Reich. Am realizat împreună cercetările pentru această carte, am pregătit împreună primele ciorne ale capitolelor şi am vorbit neîncetat despre ea, pe măsură ce prindea contur. Această carte nu ar fi apărut fără ea.

Le sunt recunoscător lui Bridget Alex, Peter Bellwood, Samuel Fenton-Whittet, Henry Louis Gates Jr., Yonatan Grad, Iosif Lazaridis, Daniel Lieberman, Shop Mallick, Erroll McDonald, Latha Menon, Nick Patterson, Molly Przeworski, Juliet Samuel, Clifford Tabin, Daniel Reich, Tova Reich, Walter Reich, Robert Weinberg şi Matthew Spriggs pentru parcurgerea critică a întregii cărţi.

Le mulţumesc lui David Anthony, Ofer Bar-Yosef, Caroline Bearsted, Deborah Bolnick, Dorcas Brown, Katherine Brunson, Qiaomei Fu, David Goldstein, Alexander Kim, Carles Lalueza-Fox, Iain Mathieson, Eric Lander, Mark Lipson, Scott MacEachern, Richard Meadow, David Meltzer, Priya Moorjani, John Novembre, Svante Pääbo, Pier Palamara, Eleftheria Palkopou-lou, Mary Prendergast, Rebecca Reich, Colin Renfrew, Nadin Rohland, Daniel Rozas, Pontus Skoglund, Chuanchao Wang şi Michael Witzel, pentru evaluarea critică a diverselor capitole. Le mulţumesc, de asemenea, lui Stanley Ambrose, Graham Coop, Dorian Fuller, Eadaion

Harney, Linda Heywood, Yousuke Kaifu, Kristian Kristiansen, Michelle Lee, Daniel Lieberman, Michael McCormick, Michael Petraglia, Joseph Pickrell, Stephen Schiffels, Beth Shapiro şi Bence Viola pentru revizuirea corectitudinii diferitelor părţi ale cărţii.

Sunt recunoscător Facultăţii de Medicină a Universităţii Harvard, Institutului Medical Howard Hughes şi Fundaţiei Naţionale de Ştiinţe a Statelor Unite, care, pe parcursul lucrului la această carte, miau sprijinit cu generozitate cercetările şi le-au privit ca fiind complementare cercetărilor mele de bază.

în final, doresc să mulţumesc mai multor persoane care m-au încurajat, în mod repetat, să scriu această carte. Am rezistat ani de zile acestei idei, pentru că nu voiam să îmi abat atentia de la cercetările mele si deoarece lucrările ştiinţifice în domeniul geneticii, iar nu cărţile, sunt cele care contează pentru geneticieni. Mi-am schimbat părerea însă pe măsură ce printre colegii mei au început să apară arheologi, antropologi, istorici, lingvişti şi alţi specialişti dornici să abordeze problema revoluţiei ADN-ului ancestral. Numeroase lucrări au rămas nescrise si multe analize nefinalizate, din cauza timpului alocat scrierii acestei cărţi. Am speranţa însă că aceia care citesc această carte vor dobândi o nouă perspectivă despre cine suntem noi, oamenii.